

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
25. März 2004 (25.03.2004)

PCT

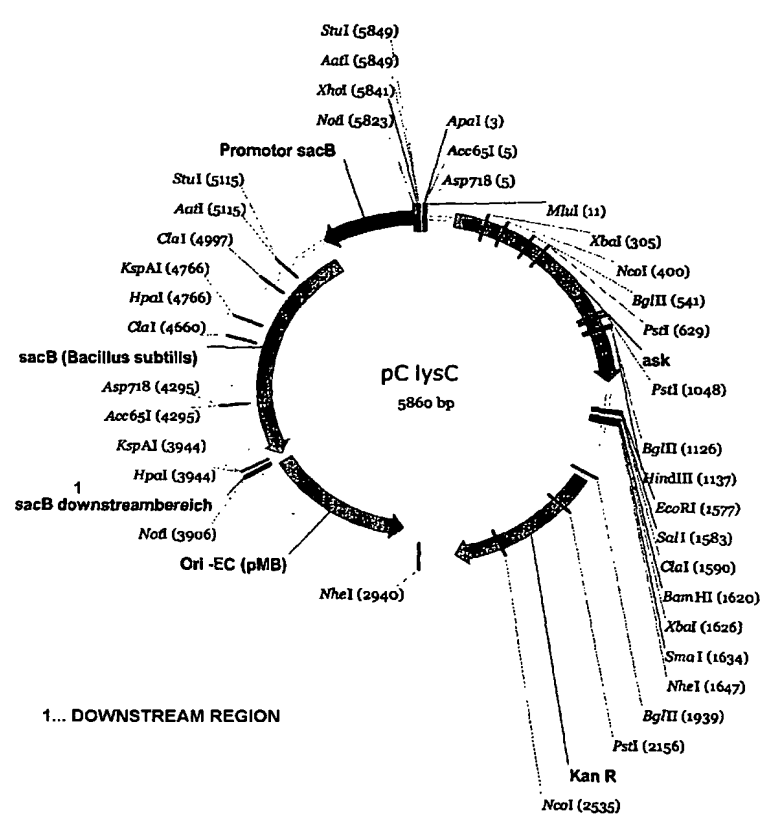
(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 2004/024931 A2

- | | |
|---|--|
| <p>(51) Internationale Patentklassifikation: C12P 13/04, 13/12</p> <p>(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP2003/009451</p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 26. August 2003 (26.08.2003)</p> <p>(25) Einreichungssprache: Deutsch</p> <p>(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch</p> <p>(30) Angaben zur Priorität: 102 39 308.7 27. August 2002 (27.08.2002) DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von US): BASF AKTIENGESELLSCHAFT [DE/DE]; ., 67056 Ludwigshafen (DE).</p> | <p>(72) Erfinder; und</p> <p>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): KRÖGER, Burkhard [DE/DE]; Im Waldhof 1, 67117 Limburgerhof (DE). ZELDER, Oskar [DE/DE]; Franz-Stützel-Str. 8, 67346 Speyer (DE). KLOPPROGGE, Corinna [DE/DE]; Rastatter Str. 10, 68239 Mannheim (DE). SCHRÖDER, Hartwig [DE/DE]; Benzstr. 4, 69226 Nussloch (DE). HÄFNER, Stefan [DE/DE]; Luitpoldstr. 11, 67063 Ludwigshafen (DE).</p> <p>(74) Anwalt: KINZEBACH, Werner; Reitstötter, Kinzebach & Partner (GbR), Sternwartstr. 4, 81679 München (DE).</p> <p>(81) Bestimmungsstaaten (national): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE,</p> |
|---|--|

[Fortsetzung auf der nächsten Seite]

(54) Title: METHOD FOR THE PRODUCTION BY FERMENTATION OF SULPHUR-CONTAINING FINE CHEMICALS (METF)

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR FERMENTATIVEN HERSTELLUNG SCHWEFELHALTIGER FEINCHEMIKALIEN (METF)



(57) Abstract: The invention relates to methods for the production by fermentation of sulphur-containing fine chemicals, in particular L-methionine, using bacteria in which a nucleic acid sequence coding for a methionine synthase gene (metF) is expressed.

(57) Zusammenfassung: Die Erfindung betrifft Verfahren zur fermentativen Herstellung von schwefelhaltigen Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, unter Verwendung von Bakterien, in denen eine für ein Methionin-Synthase (metF)-Gen kodierende Nukleotidsequenz exprimiert wird.



GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Veröffentlicht:

— ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts

(84) **Bestimmungsstaaten (regional):** ARIPO-Patent (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL,

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

Verfahren zur fermentativen Herstellung schwefelhaltiger Feinchemikalien (METF)

Beschreibung

Gegenstand der Erfindung ist ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von schwefelhaltigen Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, unter Verwendung von Bakterien, in denen eine für ein Methylentetrahydrofolat Reduktase (metF)-Gen kodierende Nukleotidsequenz exprimiert wird.

Stand der Technik

Schwefelhaltige Feinchemikalien, wie zum Beispiel Methionin, Homocystein, S-Adenosyl-Methionin, Glutathion, Cystein, Biotin, Thiamin, Liponsäure werden über natürliche Stoffwechselprozesse in Zellen hergestellt und werden in vielen Industriezweigen verwendet, einschließlich der Nahrungsmittel-, Futtermittel-, Kosmetik- und pharmazeutischen Industrie. Diese Substanzen, die zusammen als "schwefelhaltige Feinchemikalien" bezeichnet werden, umfassen organische Säuren, sowohl proteinogene als auch nicht-proteinogene Aminosäuren, Vitamine und Cofaktoren. Ihre Produktion erfolgt am zweckmäßigsten im Großmaßstab mittels Anzucht von Bakterien, die entwickelt wurden, um große Mengen der jeweils gewünschten Substanz zu produzieren und sezernieren. Für diesen Zweck besonders geeignete Organismen sind coryneforme Bakterien, gram-positive nicht-pathogene Bakterien.

Es ist bekannt, dass Aminosäuren durch Fermentation von Stämmen coryneformer Bakterien, insbesondere *Corynebacterium glutamicum*, hergestellt werden. Wegen der großen Bedeutung wird ständig an der Verbesserung der Herstellverfahren gearbeitet. Verfahrensverbesserungen können fermentationstechnische Maßnahmen, wie zum Beispiel Rührung und Versorgung mit Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der Nährmedien, wie zum Beispiel die Zuckerkonzentration während der Fermentation, oder die Aufarbeitung zum Produkt, beispielsweise durch Ionenaustauschchromatographie, oder die intrinsischen Leistungseigenschaften des Mikroorganismus selbst betreffen.

Über Stammselektion sind eine Reihe von Mutantenstämmen entwickelt worden, die ein Sortiment wünschenswerter Verbindungen aus der Reihe der schwefelhaltigen Feinchemikalien produzieren. Zur Verbesserung der Leistungseigenschaften dieser Mikroorganismen hinsichtlich der Produktion eines bestimmten Moleküls werden Methoden der Mutagenese, Selektion und Mutantenauswahl angewendet. Dies ist jedoch ein zeitaufwendiges und schwieriges Verfahren. Auf diese Weise erhält man z.B. Stämme, die resistent gegen Antimetabolite, wie z. B. die Methionin-Analoga α -Methyl-Methionin, Ethionin, Norleucin, N-Acetylnorleucin, S-Trifluoromethylhomocystein, 2-Amino-5-heptenoisäure, Seleno-Methionin, Methioninsulfoximin,

Methoxin, 1-Aminocyclopentan-Carboxylsäure oder auxotroph für regulatorisch bedeutsame Metabolite sind und schwefelhaltige Feinchemikalien, wie z. B. L-Methionin, produzieren.

Seit einigen Jahren werden ebenfalls Methoden der rekombinanten DNA-Technik zur Stammverbesserung von L-Aminosäure produzierender Stämme von *Corynebacterium* eingesetzt, indem man einzelne Aminosäure-Biosynthesegene amplifiziert und die Auswirkung auf die Aminosäure-Produktion untersucht.

Kurze Beschreibung der Erfindung

Der Erfindung lag die Aufgabe zugrunde, ein neues Verfahren zur verbesserten fermentativen Herstellung von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, bereitzustellen.

Gelöst wird obige Aufgabe durch Bereitstellung eines Verfahrens zur fermentativen Herstellung einer schwefelhaltigen Feinchemikalie, umfassend die Expression einer heterologen Nukleotidsequenz, welche für ein Protein mit metF-Aktivität kodiert, in einem coryneformen Bakterium.

Ein erster Gegenstand der Erfindung ist Verfahren zur fermentativen Herstellung wenigstens einer schwefelhaltigen Feinchemikalie, welches folgende Schritte umfasst:

- a) Fermentation einer die gewünschte schwefelhaltige Feinchemikalie produzierenden coryneformen Bakterienkultur, wobei in den coryneformen Bakterien zumindest eine heterologe Nukleotidsequenz exprimiert wird, welche für ein Protein mit Methylentetrahydrofolat Reduktase (metF)-Aktivität kodiert;
- b) Anreicherung der schwefelhaltigen Feinchemikalie im Medium oder in den Zellen der Bakterien, und
- c) Isolieren der schwefelhaltigen Feinchemikalie, welche vorzugsweise L-Methionin umfasst.

Vorzugsweise besitzt obige heterologe metF-kodierende Nukleotidsequenz zur metF-kodierenden Sequenz aus *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032 eine Sequenzhomologie von weniger als 100%, wie z.B. mehr als 70%, wie 75, 80, 85, 90 oder 95 %, oder weniger als 70%, wie z.B. bis zu 60, 50, 40, 30, 20 oder 10 %. Die metF-kodierende Sequenz ist vorzugsweise aus einem der folgenden Organismen von Liste I abgeleitet:

Liste I

Organismus	Stammsammlung
<i>Corynebacterium diptheriae</i>	ATCC 14779
<i>Streptomyces lividans</i>	ATCC 19844
<i>Streptomyces coelicolor</i>	ATCC 10147
<i>Aquifex aeolicus</i>	DSM 6858
<i>Burkholderia cepacia</i>	ATCC 25416
<i>Nitrosomonas europaea</i>	ATCC 19718
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	ATCC 17933
<i>Xylella fastidiosa</i>	ATCC 35881
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	ATCC 13525
<i>Schizosaccharomyces pombe</i>	ATCC 24969
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	ATCC 10751
<i>Erwinia carotovora</i>	ATCC 15713
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	ATCC 700721
<i>Salmonella typhi</i>	ATCC 12839
<i>Salmonella typhimurium</i>	ATCC 15277
<i>Escherichia coli</i> K12	ATCC55151
<i>Vibrio cholerae</i>	ATCC 39315
<i>Haemophilus influenzae</i>	ATCC 51907
<i>Caulobacter crescentus</i>	ATCC 19089
<i>Actinobacillus actinomycetemcomitans</i>	ATCC 33384
<i>Neisseria meningitis</i>	ATCC 6253
<i>Rhodobacter capsulatus</i>	ATCC 11166
<i>Campylobacter jejuni</i>	ATCC 33560
<i>Lactococcus lactis</i>	ATCC 7962
<i>Prochlorococcus marinus</i>	PCC7118
<i>Bacillus stearothermophilus</i>	ATCC 12980

- 5 ATCC: American Type Culture Collection, Rockville, MD, USA
PCC: Pasteur Culture Collection of Cyanobacteria. Paris Frankreich
DSM: Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen

10 Die erfindungsgemäß eingesetzte metF-kodierende Sequenz umfasst vorzugsweise eine kodierende Sequenz gemäß SEQ ID NO:1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51 und 53 oder eine dazu homologe Nukleotidsequenz, welche für ein Protein mit metF-Aktivität kodiert, umfasst.

15 Die erfindungsgemäß eingesetzte metF-kodierende Sequenz kodiert außerdem vorzugsweise für ein Protein mit metF-Aktivität, wobei das Protein eine Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NO:2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52

und 54 oder eine dazu homologe Aminosäuresequenz, welche für ein Protein mit metF-Aktivität steht.

Die kodierende metF-Sequenz ist vorzugsweise eine in coryneformen Bakterien replizierbare
5 oder eine stabil in das Chromosom integrierte DNA oder eine RNA.

Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform wird das erfindungsgemäße Verfahren durchgeführt, indem man

- 10 a) einen mit einem Plasmidvektor transformierten Bakterienstamm einsetzt der wenigstens eine Kopie der kodierenden metF-Sequenz unter der Kontrolle regulativer Sequenzen trägt, oder
b) einen Stamm einsetzt, in dem die kodierende metF-Sequenz in das Chromosom des Bakteriums integriert wurde.

15 Es ist weiterhin bevorzugt, die kodierende metF-Sequenz für die Fermentation zu überexprimieren.

Außerdem kann es wünschenswert sein, Bakterien zu fermentieren, in denen zusätzlich wenigstens ein weiteres Gen des Biosyntheseweges der gewünschten schwefelhaltigen Feinchemikalie
20 verstärkt ist; und / oder
in denen wenigstens ein Stoffwechselweg zumindest teilweise ausgeschaltet sind, der die Bildung der gewünschten schwefelhaltigen Feinchemikalie verringert.

Außerdem kann es wünschenswert sein, Bakterien zu fermentieren, in denen zusätzlich wenigstens ein weiteres Gen des Biosyntheseweges der gewünschten schwefelhaltigen Feinchemikalie
25 durch Stoffwechselmetabolite in seiner Aktivität nicht in unerwünschter Weise beeinflusst wird.

Gemäß einer weiteren Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden deshalb coryneforme Bakterien fermentiert, in denen gleichzeitig wenigstens eines der Gene, ausgewählt
30 unter

- a) dem für eine Aspartatkinase kodierenden Gen lysC,
b) dem für eine Aspartat-Semialdehyd-Dehydrogenase kodierenden Gen asd
c) dem für die Glycerinaldehyd-3-Phosphat Dehydrogenase kodierenden Gen gap,
35 d) dem für die 3-Phosphoglycerat Kinase kodierenden Gen pgk,
e) dem für die Pyruvat Carboxylase kodierenden Gen pyc,
f) dem für die Triosephosphat Isomerase kodierenden Gen tpi,
g) dem für die Homoserin O-Acetyltransferase kodierenden Gen metA,

- h) dem für die Cystathionin-gamma-Synthase kodierenden Gen metB,
- i) dem für die Cystathionin-gamma-Lyase kodierenden Gen metC,
- j) dem für die Serin-Hydroxymethyltransferase kodierenden Gen glyA,
- k) dem für die O-Acetylhomoserin-Sulfhydrylase kodierenden Gen metY,
- l) dem für die Methionin Synthase kodierenden Gen meth,
- m) dem für die Phosphoserin-Aminotransferase kodierenden Gen serC
- n) dem für die Phosphoserin-Phosphatase kodierenden Gen serB,
- o) dem für die Serine Acetyl-Transferase kodierenden Gen cysE,
- p) dem für die Homoserin-Dehydrogenase kodierenden Gen hom,

überexprimiert ist.

Gemäß einer anderen Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden coryneforme Bakterien fermentiert, in denen gleichzeitig wenigstens eines der Gene ausgewählt unter Genen der oben genannten Gruppe a) bis p) mutiert ist, so dass die korrespondierenden Proteine, verglichen mit nicht mutierten Proteinen, in geringerem Maße oder nicht durch Stoffwechselmetabolite in ihrer Aktivität beeinflusst werden und dass insbesondere die erfindungsgemäße Produktion der Feinchemikalie nicht beeinträchtigt wird.

Gemäß einer anderen Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden coryneforme Bakterien fermentiert, in denen gleichzeitig wenigstens eines der Gene, ausgewählt unter

- q) dem für die Homoserine-Kinase kodierenden Gen thrB,
- r) dem für die Threonin Dehydratase kodierenden Gen ilvA,
- s) dem für die Threonin Synthase kodierenden Gen thrC
- t) dem für die Meso-Diaminopimelat D-Dehydrogenase kodierenden Gen ddh
- u) dem für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierenden Gen pck,
- v) dem für die Glucose-6-Phosphat-6-Isomerase kodierenden Gen pgi,
- w) dem für die Pyruvat-Oxidase kodierenden Gen poxB,
- x) dem für die Dihydrodipicolinat Synthase kodierenden Gen dapA,
- y) dem für die Dihydrodipicolinat Reduktase kodierenden Gen dapB; oder
- z) dem für die Diaminopicolinat Decarboxylase kodierenden Gen lysA

abschwächt ist, insbesondere durch Verringerung der Expressionsrate des korrespondierenden Gens.

Gemäß einer anderen Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden coryneforme Bakterien fermentiert, in denen gleichzeitig wenigstens eines der Gene der obigen Gruppen q) bis z) mutiert ist, so dass die enzymatische Aktivität des korrespondierenden Proteins teilweise oder vollständig verringert wird.

Vorzugsweise werden in dem erfindungsgemäßen Verfahren Mikroorganismen der Art *Corynebacterium glutamicum* eingesetzt.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung eines L-Methionin-

- 5 haltigen Tierfuttermittel-Additivs aus Fermentationsbrühen, welches folgende Schritte umfasst
- a) Kultivierung und Fermentation eines L-Methionin produzierenden Mikroorganismus in einem Fermentationsmedium;
 - b) Entfernung von Wasser aus der L-Methionin haltigen Fermentationsbrühe;
 - c) Entfernung der während der Fermentation gebildeten Biomasse in einer Menge
 - 10 von 0 bis 100 Gew.-%; und
 - d) Trocknung der gemäß b) und/oder c) erhaltenen Fermentationsbrühe, um das Tierfuttermittel-Additiv in der gewünschten Pulver- oder Granulatform zu erhalten.

Gegenstand der Erfindung sind ebenfalls die erstmalig aus obigen Mikroorganismen isolierten

15 kodierenden metF-Sequenzen, die davon kodierten metF-Enzyme sowie die funktionalen Homologen dieser Polynukleotide bzw. Proteine.

Detaillierte Beschreibung der Erfindung

20 a) Allgemeine Begriffe

Als Proteine mit der Aktivität der Methylentetrahydrofolat-Reduktase werden solche Proteine beschrieben, die in der Lage sind 5,10-Methylenetetrahydrofolat ($\text{CH}_2\text{-H(4)Folat}$) unter Oxidation des Cofaktors NADH oder NADPH zu 5-Methyltetrahydrofolat ($\text{CH}_3\text{-H(4)Folat}$) zu reduzieren.

25

Dem Fachmann sind weitere Details des metF Proteins bekannt: (Matthews RG. Sheppard C. Goulding C. European Journal of Pediatrics. 157 Suppl 2:S54-9, 1998, Trimmer EE. Ballou DP. Matthews RG. Biochemistry. 40(21):6205-15, 2001). Der Fachmann kann die enzymatische Aktivität von metF durch Enzymtests nachweisen, Vorschriften dafür können sein: Matthews, R.G., Methylene-tetrahydrofolate reductase from pig liver. Methods in Enzymology. 122:372-81, 1986.

30

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung umfasst der Begriff „schwefelhaltige Feinchemikalie“ jegliche chemische Verbindung, die wenigstens ein Schwefelatom kovalent gebunden enthält und durch ein erfindungsgemäßes Fermentationsverfahrens zugänglich ist. Nichtlimitierende Beispiele dafür sind Methionin, Homocystein, S-Adenosyl-Methionin, insbesondere Methionin, und S-Adenosyl-Methionin.

35

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung umfassen die Begriffe „L-Methionin“, „Methionin“, Homocystein und S-Adenosylmethionin auch die korrespondierenden Salze, wie z. B. Methionin-Hydrochlorid oder Methionin-Sulfat.

- 5 "Polynukleotide" bezeichnet im allgemeinen Polyribonukleotide (RNA) und Polydeoxyribonukleotide (DNA), wobei es sich um nicht modifizierte RNA oder DNA oder modifizierte RNA oder DNA handeln kann.

- 10 Unter "Polypeptiden" versteht man erfindungsgemäß Peptide oder Proteine, die zwei oder mehr über Peptidbindungen verbundene Aminosäuren enthalten.

- Der Begriff „Stoffwechselmetabolit“ bezeichnet chemische Verbindungen, die im Stoffwechsel von Organismen als Zwischen- oder auch Endprodukte vorkommen und die neben ihrer Eigenschaft als chemische Bausteine auch modulierende Wirkung auf Enzyme und ihre katalytische
- 15 Aktivität haben können. Dabei ist aus der Literatur bekannt, dass solche Stoffwechselmetabolite sowohl hemmend als auch stimulierend auf die Aktivität von Enzymen wirken können (Biochemistry, Stryer, Lubert, 1995 W. H. Freeman & Company, New York, New York.). In der Literatur ist auch beschrieben, dass es möglich ist durch Maßnahmen wie Mutation der genomischen DNA durch UV-Strahlung, ionisierender Strahlung oder mutagene Substanzen und nachfolgender
- 20 Selektion auf bestimmte Phänotypen in Organismen solche Enzyme zu produzieren, in denen die Beeinflussung durch Stoffwechselmetabolite verändert wurde (Sahm H. Eggeling L. de Graaf AA. Biological Chemistry 381(9-10):899-910, 2000; Eikmanns BJ. Eggeling L. Sahm H. Antonie van Leeuwenhoek. 64:145-63, 1993-94). Diese veränderten Eigenschaften können auch durch gezielte Maßnahmen erreicht werden. Dabei ist dem Fachmann bekannt, dass in Genen
- 25 für Enzyme bestimmte Nukleotide der für das Protein kodierenden DNA gezielt verändert werden können, so dass das aus der exprimierten DNA-Sequenz resultierende Protein bestimmte neue Eigenschaften aufweist, so zum Beispiel, dass die modulierende Wirkung von Stoffwechselmetaboliten gegenüber dem nicht veränderten Protein verändert ist.

- 30 Enzyme können derart in ihrer Aktivität beeinflusst werden, dass es zu einer Verringerung der Reaktionsgeschwindigkeit, oder zu einer Veränderung der Affinität gegenüber dem Substrat oder zu einer Änderung der Reaktionsgeschwindigkeiten kommt.

- Die Begriffe "exprimieren" bzw. "Verstärkung" oder „Überexpression“ beschreiben im Kontext der
- 35 Erfindung die Produktion bzw. Erhöhung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden. Dazu kann man beispielsweise ein Gen in einen Organismus einbringen, ein vorhandenes Gen durch ein anderes Gen ersetzen, die Kopienzahl des Gens bzw. der Gene erhöhen, einen starken Promo-

tor verwenden oder ein Gen verwenden, das für ein entsprechendes Enzym mit einer hohen Aktivität kodiert und man kann gegebenenfalls diese Maßnahmen kombinieren.

b) Erfindungsgemäße metF-Proteine

5

Erfindungsgemäß mit umfasst sind ebenfalls „funktionale Äquivalente“ der konkret offenbarten metF-Enzyme aus Organismen obiger Liste I.

10

„Funktionale Äquivalente“ oder Analoga der konkret offenbarten Polypeptide sind im Rahmen der vorliegenden Erfindung davon verschiedene Polypeptide, welche weiterhin die gewünschte biologische Aktivität, wie z.B. Substratspezifität, besitzen.

15

Unter "funktionalen Äquivalenten" versteht man erfindungsgemäß insbesondere Mutanten, welche in wenigstens einer der oben genannten Sequenzpositionen eine andere als die konkret genannte Aminosäure aufweisen aber trotzdem eine der oben genannten biologische Aktivitäten besitzen. "Funktionale Äquivalente" umfassen somit die durch eine oder mehrere Aminosäure-Additionen, -Substitutionen, -Deletionen und/oder -Inversionen erhältlichen Mutanten, wobei die genannten Veränderungen in jeglicher Sequenzposition auftreten können, solange sie zu einer Mutante mit dem erfindungsgemäßen Eigenschaftsprofil führen. Funktionale Äquivalenz ist insbesondere auch dann gegeben, wenn die Reaktivitätsmuster zwischen Mutante und unverändertem Polypeptid qualitativ übereinstimmen, d.h. beispielsweise gleiche Substrate mit unterschiedlicher Geschwindigkeit umgesetzt werden.

20

25

"Funktionale Äquivalente" umfassen natürlich auch Polypeptide welche aus anderen Organismen zugänglich sind, sowie natürlich vorkommende Varianten. Beispielsweise lassen sich durch Sequenzvergleich Bereiche homologer Sequenzregionen festlegen und in Anlehnung an die konkreten Vorgaben der Erfindung äquivalente Enzyme ermitteln.

30

„Funktionale Äquivalente“ umfassen ebenfalls Fragmente, vorzugsweise einzelne Domänen oder Sequenzmotive, der erfindungsgemäßen Polypeptide, welche z.B. die gewünschte biologische Funktion aufweisen.

35

„Funktionale Äquivalente“ sind außerdem Fusionsproteine, welche ein der oben genannten Polypeptidsequenzen oder davon abgeleitete funktionale Äquivalente und wenigstens eine weitere, davon funktionell verschiedene, heterologe Sequenz in funktioneller N- oder C-terminaler Verknüpfung (d.h. ohne gegenseitigen wesentliche funktionelle Beeinträchtigung der Fusionsproteinteile) aufweisen. Nichtlimitierende Beispiele für derartige heterologe Sequenzen sind z.B. Sig-

nalpeptide, Enzyme, Immunoglobuline, Oberflächenantigene, Rezeptoren oder Rezeptorliganden.

Erfindungsgemäß mit umfasste „funktionale Äquivalente“ sind Homologe zu den konkret offenbarten Proteinen. Diese besitzen wenigstens 30%, oder etwa 40%, 50 %, vorzugsweise wenigstens etwa 60 %, 65%, 70%, oder 75% ins besondere wenigsten 85 %, wie z.B. 90%, 95% oder 99%, Homologie zu einer der konkret offenbarten Sequenzen, berechnet nach dem Algorithmus von Pearson und Lipman, Proc. Natl. Acad. Sci. (USA) 85(8), 1988, 2444-2448.

- 10 Homologe der erfindungsgemäßen Proteine oder Polypeptide können durch Mutagenese erzeugt werden, z.B. durch Punktmutation oder Verkürzung des Proteins. Der Begriff "Homolog", wie er hier verwendet wird, betrifft eine variante Form des Proteins, die als Agonist oder Antagonist der Protein-Aktivität wirkt.
- 15 Homologe des erfindungsgemäßen Proteine können durch Screening kombinatorischer Banken von Mutanten, wie z.B. Verkürzungsmutanten, identifiziert werden. Beispielsweise kann eine variierte Bank von Protein-Varianten durch kombinatorische Mutagenese auf Nukleinsäureebene erzeugt werden, wie z.B. durch enzymatisches Ligieren eines Gemisches synthetischer Oligonukleotide. Es gibt eine Vielzahl von Verfahren, die zur Herstellung von Banken potentieller
- 20 Homologer aus einer degenerierten Oligonukleotidsequenz verwendet werden können. Die chemische Synthese einer degenerierten Gensequenz kann in einem DNA-Syntheseautomaten durchgeführt werden, und das synthetische Gen kann dann in einen geeigneten Expressionsvektor ligiert werden. Die Verwendung eines degenerierten Gensatzes ermöglicht die Bereitstellung sämtlicher Sequenzen in einem Gemisch, die den gewünschten Satz an potentiellen Proteinsequenzen codieren. Verfahren zur Synthese degenerierter Oligonukleotide sind dem Fachmann bekannt (Z.B. Narang, S.A. (1983) Tetrahedron 39:3; Itakura et al. (1984) Annu. Rev. Biochem. 53:323; Itakura et al., (1984) Science 198:1056; Ike et al. (1983) Nucleic Acids Res. 11:477).
- 25
- 30 Zusätzlich können Banken von Fragmenten des Protein-Codons verwendet werden, um eine variierte Population von Protein-Fragmenten zum Screening und zur anschließenden Selektion von Homologen eines erfindungsgemäßen Proteins zu erzeugen. Bei einer Ausführungsform kann eine Bank von kodierenden Sequenzfragmenten durch Behandeln eines doppelsträngigen PCR-Fragmentes einer kodierenden Sequenz mit einer Nuklease unter Bedingungen, unter denen ein Nicking nur etwa einmal pro Molekül erfolgt, Denaturieren der doppelsträngigen DNA,
- 35 Renaturieren der DNA unter Bildung doppelsträngiger DNA, die Sense-/Antisense-Paare von verschiedenen genickten Produkten umfassen kann, Entfernen einzelsträngiger Abschnitte aus neu gebildeten Duplices durch Behandlung mit S1-Nuclease und Ligieren der resultierenden

Fragmentbank in einen Expressionsvektor erzeugt werden. Durch dieses Verfahren kann eine Expressionsbank hergeleitet werden, die N-terminale, C-terminale und interne Fragmente mit verschiedenen Größen des erfindungsgemäßen Proteins kodiert.

- 5 Im Stand der Technik sind mehrere Techniken zum Screening von Genprodukten kombinatorischer Banken, die durch Punktmutationen oder Verkürzung hergestellt worden sind, und zum Screening von cDNA-Banken auf Genprodukte mit einer ausgewählten Eigenschaft bekannt. Diese Techniken lassen sich an das schnelle Screening der Genbanken anpassen, die durch kombinatorische Mutagenese erfindungsgemäßer Homologer erzeugt worden sind. Die am häufigsten verwendeten Techniken zum Screening großer Genbanken, die einer Analyse mit hohem Durchsatz unterliegen, umfassen das Klonieren der Genbank in replizierbare Expressionsvektoren, Transformieren der geeigneten Zellen mit der resultierenden Vektorenbank und Exprimieren der kombinatorischen Gene unter Bedingungen, unter denen der Nachweis der gewünschten Aktivität die Isolation des Vektors, der das Gen codiert, dessen Produkt nachgewiesen wurde, erleichtert. Recursive-Ensemble-Mutagenese (REM), eine Technik, die die Häufigkeit funktioneller Mutanten in den Banken vergrößert, kann in Kombination mit den Screeningtests verwendet werden, um Homologe zu identifizieren (Arkin und Yourvan (1992) PNAS 89:7811-7815; Delgrave et al. (1993) Protein Engineering 6(3):327-331

20 c) Erfindungsgemäße Polynukleotide

Gegenstand der Erfindung sind ebenso Nukleinsäuresequenzen (einzel- und doppelsträngige DNA- und RNA-Sequenzen, wie z.B. cDNA und mRNA), kodierend für eines der obigen metF-Enzyme und deren funktionalen Äquivalenten, welche z.B. auch unter Verwendung künstlicher Nukleotidanaloga zugänglich sind.

Die Erfindung betrifft sowohl isolierte Nukleinsäuremoleküle, welche für erfindungsgemäße Polypeptide bzw. Proteine oder biologisch aktive Abschnitte davon kodieren, sowie Nukleinsäurefragmente, die z.B. zur Verwendung als Hybridisierungs sonden oder Primer zur Identifizierung oder Amplifizierung von erfindungsgemäßer kodierenden Nukleinsäuren verwendet werden können.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküle können zudem untranslatierte Sequenzen vom 3'- und/oder 5'-Ende des kodierenden Genbereichs enthalten

35 Ein "isoliertes" Nukleinsäuremolekül wird von anderen Nukleinsäuremolekülen abgetrennt, die in der natürlichen Quelle der Nukleinsäure zugegen sind und kann überdies im wesentlichen frei von anderem zellulären Material oder Kulturmedium sein, wenn es durch rekombinante Techni-

ken hergestellt wird, oder frei von chemischen Vorstufen oder anderen Chemikalien sein, wenn es chemisch synthetisiert wird.

Die Erfindung umfasst weiterhin die zu den konkret beschriebenen Nukleotidsequenzen kom-
5 plementären Nukleinsäuremoleküle oder einen Abschnitt davon.

Die erfindungsgemäß Nukleotidsequenzen ermöglichen die Erzeugung von Sonden und Pri-
mern, die zur Identifizierung und/oder Klonierung von homologer Sequenzen in anderen Zellty-
pen und Organismen verwendbar sind. Solche Sonden bzw. Primer umfassen gewöhnlich einen
10 Nukleotidsequenzbereich, der unter stringenten Bedingungen an mindestens etwa 12, vorzugs-
weise mindestens etwa 25, wie z.B. etwa 40, 50 oder 75 aufeinanderfolgende Nukleotide eines
Sense-Stranges einer erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenz oder eines entsprechenden
Antisense-Stranges hybridisiert.

15 Weitere erfindungsgemäße Nukleinsäuresequenzen sind abgeleitet von SEQ ID NO:1, 3, 5, 7, 9,
11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51 oder 53 und un-
terscheiden sich davon durch Addition, Substitution, Insertion oder Deletion einzelner oder meh-
rerer Nukleotide, kodieren aber weiterhin für Polypeptide mit dem gewünschten Eigenschaftspro-
fil. Dies können Polynukleotide sein, die zu obigen Sequenzen in mindestens etwa 50%, 55%,
20 60%, 65%, 70%, 80% oder 90%, vorzugsweise in mindestens etwa 95%, 96%, 97%, 98% oder
99% der Sequenzpositionen identisch sind.

Erfindungsgemäß umfasst sind auch solche Nukleinsäuresequenzen, die sogenannte stumme
Mutationen umfassen oder entsprechend der Codon-Nutzung eines speziellen Ursprungs- oder
25 Wirtsorganismus, im Vergleich zu einer konkret genannten Sequenz verändert sind, ebenso wie
natürlich vorkommende Varianten, wie z.B. Spleißvarianten oder Allelvarianten, davon. Gegen-
stand sind ebenso durch konservative Nukleotidsubstitutionen (d.h. die betreffende Aminosäure
wird durch eine Aminosäure gleicher Ladung, Größe, Polarität und/oder Löslichkeit ersetzt) er-
hältliche Sequenzen.

30 Gegenstand der Erfindung sind auch die durch Sequenzpolymorphismen von den konkret offen-
barten Nukleinsäuren abgeleiteten Moleküle. Diese genetischen Polymorphismen können zwi-
schen Individuen innerhalb einer Population aufgrund der natürlichen Variation existieren. Diese
natürlichen Variationen bewirken üblicherweise eine Varianz von 1 bis 5 % in der Nukleotidse-
35 quenz eines Gens.

Weiterhin umfasst die Erfindung auch Nukleinsäuresequenzen, welchen mit oben genannten
kodierenden Sequenzen hybridisieren oder dazu komplementär sind. Diese Polynukleotide las-

sen sich bei Durchmusterung von genomischen oder cDNA-Banken auffinden und gegebenenfalls daraus mit geeigneten Primern mittels PCR vermehren und anschließend beispielsweise mit geeigneten Sonden isolieren. Eine weitere Möglichkeit bietet die Transformation geeigneter Mikroorganismen mit erfindungsgemäßen Polynukleotiden oder Vektoren, die Vermehrung der Mikroorganismen und damit der Polynukleotide und deren anschließende Isolierung. Darüber hinaus können erfindungsgemäße Polynukleotide auch auf chemischem Wege synthetisiert werden.

Unter der Eigenschaft, an Polynukleotide „hybridisieren“ zu können, versteht man die Fähigkeit eines Poly- oder Oligonukleotids unter stringenten Bedingungen an eine nahezu komplementäre Sequenz zu binden, während unter diesen Bedingungen unspezifische Bindungen zwischen nicht-komplementären Partnern unterbleiben. Dazu sollten die Sequenzen zu 70-100%, vorzugsweise zu 90-100%, komplementär sein. Die Eigenschaft komplementärer Sequenzen, spezifisch aneinander binden zu können, macht man sich beispielsweise in der Northern- oder Southern-Blot-Technik oder bei der Primerbindung in PCR oder RT-PCR zunutze. Üblicherweise werden dazu Oligonukleotide ab einer Länge von 30 Basenpaaren eingesetzt. Unter stringenten Bedingungen versteht man beispielsweise in der Northern-Blot-Technik die Verwendung einer 50 – 70 °C, vorzugsweise 60 – 65 °C warmen Waschlösung, beispielsweise 0,1x SSC-Puffer mit 0,1% SDS (20x SSC: 3M NaCl, 0,3M Na-Citrat, pH 7,0) zur Elution unspezifisch hybridisierter cDNA-Sonden oder Oligonukleotide. Dabei bleiben, wie oben erwähnt, nur in hohem Maße komplementäre Nukleinsäuren aneinander gebunden. Die Einstellung stringenter Bedingungen ist dem Fachmann bekannt und ist z.B. in Ausubel et al., Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989), 6.3.1-6.3.6. beschrieben.

c) Isolierung der kodierenden metF-Gene

Die für das Enzym Methylentetrahydrofolat Reduktase kodierenden metF-Gene aus den Organismen obiger Liste I sind in an sich bekannter Weise isolierbar.

Zur Isolierung der metF-Gene oder auch anderer Gene der Organismen aus obiger Liste I wird zunächst eine Genbank dieses Organismus in Escherichia coli (E. coli) angelegt. Das Anlegen von Genbanken ist in allgemein bekannten Lehrbüchern und Handbüchern ausführlich beschrieben. Als Beispiel seien das Lehrbuch von Winnacker: Gene und Klone, Eine Einführung in die Gentechnologie (Verlag Chemie, Weinheim, Deutschland, 1990), oder das Handbuch von Sambrook et al.: Molecular Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) genannt. Eine sehr bekannte Genbank ist die des E. coli K-12 Stammes W3110, die von Kohara et al. (Cell 50, 495-508 (1989)) in λ -Vektoren angelegt wurde.

Zur Herstellung einer Genbank von Organismen der Liste I in *E. coli* können Cosmide, wie der Cosmidvektor SuperCos I (Wahl et al., 1987, Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 84: 2160-2164), aber auch Plasmide, wie pBR322 (BoliVal; Life Sciences, 25, 807-818 (1979)) oder pUC9 (Vieira et al., 1982, Gene, 19: 259-268), verwendet werden. Als Wirte eignen sich besonders solche *E. coli* Stämme, die restriktions- und rekombinationsdefekt sind. Ein Beispiel hierfür ist der Stamm DH5 α mcr, der von Grant et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 87 (1990) 4645-4649) beschrieben wurde. Die mit Hilfe von Cosmiden klonierten langen DNA-Fragmente können anschließend wiederum in gängige, für die Sequenzierung geeignete Vektoren subkloniert und anschließend sequenziert werden, so wie es z. B. bei Sanger et al. (proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 74: 5463-5467, 1977) beschrieben ist.

Die erhaltenen DNA-Sequenzen können dann mit bekannten Algorithmen bzw. Sequenzanalyse-Programmen, wie z. B. dem von Staden (Nucleic Acids Research 14,217-232(1986)), dem von Marck (Nucleic Acids Research 16, 1829-1836 (1988)) oder dem GCG-Programm von Butler (Methods of Biochemical Analysis 39, 74-97 (1998)), untersucht werden.

Die für die metF-Gene kodierenden DNA-Sequenzen von Organismen gemäß obiger Liste I wurden gefunden. Insbesondere wurden DNA-Sequenzen gemäß SEQ ID NO:1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51 und 53 gefunden. Weiterhin wurde aus diesen vorliegenden DNA-Sequenzen mit den oben beschriebenen Methoden die Aminosäuresequenzen der entsprechenden Proteine abgeleitet. Durch SEQ ID NO:2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52 und 54 sind die sich ergebenden Aminosäuresequenzen der metF-Genprodukte dargestellt.

Kodierende DNA-Sequenzen, die sich aus den Sequenzen gemäß SEQ ID NO:1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51 und 53 durch die Degeneration des genetischen Kodes ergeben, sind ebenfalls Gegenstand der Erfindung. In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit diesen Sequenzen oder davon abgeleiteten Sequenzteilen hybridisieren, Gegenstand der Erfindung.

Anleitungen zur Identifizierung von DNA-Sequenzen mittels Hybridisierung findet der Fachmann unter anderem im Handbuch "The DIG System Users Guide für Filter Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH (Mannheim, Deutschland, 1993) und bei Liebl et al. (International Journal of Systematic Bacteriology (1991) 41: 255-260). Anleitungen zur Amplifikation von DNA-Sequenzen mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) findet der Fachmann unter anderem im Handbuch von Gait: Oligonukleotide synthesis: A Practical Approach (IRL Press, Oxford,

UK, 1984) und bei Newton und Graham: PCR (Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Deutschland, 1994).

Weiterhin ist bekannt, dass Änderungen am N- und/oder C- Terminus eines Proteins dessen Funktion nicht wesentlich beeinträchtigen oder sogar stabilisieren können. Angaben hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Ben-Bassat et al. (Journal of Bacteriology 169: 751-757 (1987)), bei O'Regan et al. (Gene 77: 237-251 (1989)), bei Sahin-Toth et al. (Protein Sciences 3: 240-247 (1994)), bei Hochuli et al. (Bionotechnology 6: 1321-1325 (1988)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie.

Aminosäuresequenzen, die sich in entsprechender Weise aus den SEQ ID NO:2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52 und 54 ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung.

d) Erfindungsgemäß verwendete Wirtszellen

Weitere Gegenstände der Erfindung betreffen als Wirtszelle dienende Mikroorganismen, insbesondere coryneforme Bakterien, die einen Vektor, insbesondere Pendelvektor oder Plasmidvektor, der wenigstens ein metF-Gen erfindungsgemäßer Definition trägt, enthalten oder in denen ein erfindungsgemäßes metF-Gen exprimiert bzw. verstärkt ist.

Diese Mikroorganismen können schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke, Cellulose oder aus Glycerin und Ethanol herstellen. Vorzugsweise sind dies coryneforme Bakterien, insbesondere der Gattung Corynebacterium. Aus der Gattung Corynebacterium ist insbesondere die Art Corynebacterium glutamicum zu nennen, die in der Fachwelt für ihre Fähigkeit bekannt ist, L-Aminosäuren zu produzieren.

Als Beispiele für geeignete Stämme coryneformer Bakterien sind solche der Gattung Corynebacterium, insbesondere der Art Corynebacterium glutamicum (C. glutamicum), wie Corynebacterium glutamicum ATCC 13032, Corynebacterium acetoglutamicum ATCC 15806, Corynebacterium acetoacidophilum ATCC 13870, Corynebacterium thermoaminogenes FERM BP-1539, Corynebacterium melassecola ATCC 17965

oder

der Gattung Brevibacterium, wie

Brevibacterium flavum ATCC 14067
Brevibacterium lactofermentum ATCC 13869 und
Brevibacterium divaricatum ATCC 14020 zu nennen;
oder davon abgeleitete Stämme, wie

- 5 Corynebacterium glutamicum KFCC10065
Corynebacterium glutamicum ATCC21608

welche ebenfalls die gewünschte Feinchemikalie oder deren Vorstufe(n) produzieren.

- 10 Mit der Abkürzung KFCC ist die Korean Federation of Culture Collection gemeint, mit der Abkürzung ATCC die American type strain culture collection, mit der Abkürzung FERM BP die Sammlung des National institute of Bioscience and Human-Technology, Agency of Industrial Science and Technology, Japan bezeichnet.

15 e) Durchführung der erfindungsgemäßen Fermentation

Erfindungsgemäß wurde festgestellt, dass coryneforme Bakterien nach Überexpression eines metF-Gens aus Organismen der Liste I in vorteilhafter Weise schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, produzieren.

- 20 Zur Erzielung einer Überexpression kann der Fachmann unterschiedliche Maßnahmen einzeln oder in Kombination ergreifen. So kann die Kopienzahl der entsprechenden Gene erhöht werden, oder es kann die Promotor- und Regulationsregion oder die Ribosomenbindungsstelle, die sich stromaufwärts des Strukturgens befindet, mutiert werden. In gleicher Weise wirken Expressionskassetten, die stromaufwärts des Strukturgens eingebaut werden. Durch induzierbare Promotoren ist es zusätzlich möglich, die Expression im Verlaufe der fermentativen L-Methionin-Produktion zu steigern. Durch Maßnahmen zur Verlängerung der Lebensdauer der mRNA wird ebenfalls die Expression verbessert. Weiterhin wird durch Verhinderung des Abbaus des Enzymproteins ebenfalls die Enzymaktivität verstärkt. Die Gene oder Genkonstrukte können entweder in Plasmiden mit unterschiedlicher Kopienzahl vorliegen oder im Chromosom integriert und amplifiziert sein. Alternativ kann weiterhin eine Überexpression der betreffenden Gene durch Veränderung der Medienzusammensetzung und Kulturführung erreicht werden.
- 25
30

- 35 Anleitungen hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Martin et al. (Biotechnology 5, 137-146 (1987)), bei Guerrero et al. (Gene 138, 35-41 (1994)), Tsuchiya und Morinaga (Bio/Technology 6, 428-430 (1988)), bei Eikmanns et al. (Gene 102, 93-98 (1991)), in der Europäischen Patentschrift 0472869, im US Patent 4,601,893, bei Schwarzer und Pühler (Biotechnology 9, 84-87 (1991)), bei Remscheid et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 126-132

(1994), bei LaBarre et al. (Journal of Bacteriology 175, 1001-1007 (1993)), in der Patentanmeldung WO 96/15246, bei Malumbres et al. (Gene 134, 15-24 (1993)), in der japanischen Offenlegungsschrift JP-A-10-229891, bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58, 191-195 (1998)), bei Makrides (Microbiological Reviews 60 : 512-538 (1996) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie.

Gegenstand der Erfindung sind deshalb auch Expressionskonstrukte, enthaltend unter der genetischen Kontrolle regulativer Nukleinsäuresequenzen eine für ein erfindungsgemäßes Polypeptid kodierende Nukleinsäuresequenz; sowie Vektoren, umfassend wenigstens eines dieser Expressionskonstrukte. Vorzugsweise umfassen solche erfindungsgemäßen Konstrukte 5'-stromaufwärts von der jeweiligen kodierenden Sequenz einen Promotor und 3'-stromabwärts eine Terminatorsequenz sowie gegebenenfalls weitere übliche regulative Elemente, und zwar jeweils operativ verknüpft mit der kodierenden Sequenz. Unter einer „operativen Verknüpfung“ versteht man die sequentielle Anordnung von Promotor, kodierender Sequenz, Terminator und gegebenenfalls weiterer regulativer Elemente derart, dass jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der kodierenden Sequenz bestimmungsgemäß erfüllen kann. Beispiele für operativ verknüpfbare Sequenzen sind Aktivierungssequenzen sowie Enhancer und dergleichen. Weitere regulative Elemente umfassen selektierbare Marker, Amplifikationssignale, Replikationsursprünge und dergleichen. Geeignete regulatorische Sequenzen sind z.B. beschrieben in Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990).

Zusätzlich zu den artifiziellen Regulationssequenzen kann die natürliche Regulationssequenz vor dem eigentlichen Strukturgen noch vorhanden sein. Durch genetische Veränderung kann diese natürliche Regulation gegebenenfalls ausgeschaltet und die Expression der Gene erhöht oder erniedrigt werden. Das Genkonstrukt kann aber auch einfacher aufgebaut sein, das heißt es werden keine zusätzlichen Regulationssignale vor das Strukturgen insertiert und der natürliche Promotor mit seiner Regulation wird nicht entfernt. Statt dessen wird die natürliche Regulationssequenz so mutiert, dass keine Regulation mehr erfolgt und die Genexpression gesteigert oder verringert wird. Die Nukleinsäuresequenzen können in einer oder mehreren Kopien im Genkonstrukt enthalten sein.

Beispiele für brauchbare Promotoren sind: die Promotoren, *ddh*, *amy*, *lysC*, *dapA*, *lysA* aus *Corynebacterium glutamicum*, aber auch gram-positiven Promotoren *SPO2* wie sie in *Bacillus Subtilis* and Its Closest Relatives, Sonenshein, Abraham L., Hoch, James A., Losick, Richard; ASM Press, District of Columbia, Washington und Patek M. Eikmanns B.J. Patek J. Sahm H. Microbiology. 142 1297-309, 1996 beschrieben sind, oder aber auch *cos*-, *tac*-, *trp*-, *tet*-, *trp-tet*-, *lpp*-, *lac*-, *lpp-lac*-, *lacIq*-, *T7*-, *T5*-, *T3*-, *gal*-, *trc*-, *ara*-, *SP6*-, λ -PR- oder im λ -PL-Promotor, die vorteil-

hafterweise in gram-negativen Bakterien Anwendung finden. Bevorzugt ist auch die Verwendung induzierbarer Promotoren, wie z.B. licht- und insbesondere temperaturinduzierbarer Promotoren, wie der P_{P_i} -Promotor. Prinzipiell können alle natürlichen Promotoren mit ihren Regulationssequenzen verwendet werden. Darüber hinaus können auch synthetische Promotoren vorteilhaft verwendet werden.

Die genannten regulatorischen Sequenzen sollen die gezielte Expression der Nukleinsäuresequenzen ermöglichen. Dies kann beispielsweise je nach Wirtsorganismus bedeuten, dass das Gen erst nach Induktion exprimiert oder überexprimiert wird, oder dass es sofort exprimiert und/oder überexprimiert wird.

Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei vorzugsweise die Expression positiv beeinflussen und dadurch erhöhen oder erniedrigen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird.

Die Herstellung einer Expressionskassette erfolgt durch Fusion eines geeigneten Promotors, einer geeigneten Shine-Dalgarnow-Sequenz mit einer metF-Nukleotidsequenz sowie einem geeigneten Terminationssignal. Dazu verwendet man gängige Rekombinations- und Klonierungstechniken, wie sie beispielsweise in Current Protocols in Molecular Biology, 1993, John Wiley & Sons, Incorporated, New York New York, PCR Methods, Gelfand, David H., Innis, Michael A., Sninsky, John J. 1999, Academic Press, Incorporated, California, San Diego, ., PCR Cloning Protocols, Methods in Molecular Biology Ser., Vol. 192, 2nd ed., Humana Press, New Jersey, Totowa. T. Maniatis, E.F. Fritsch und J. Sambrook, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1989) sowie in T.J. Silhavy, M.L. Berman und L.W. Enquist, Experiments with Gene Fusions, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1984) und in Ausubel, F.M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing Assoc. and Wiley Interscience (1987) beschrieben sind.

Das rekombinante Nukleinsäurekonstrukt bzw. Genkonstrukt wird zur Expression in einem geeigneten Wirtsorganismus vorteilhafterweise in einen wirtsspezifischen Vektor insertiert, der eine optimale Expression der Gene im Wirt ermöglicht. Vektoren sind dem Fachmann wohl bekannt und können beispielsweise aus "Cloning Vectors" (Pouwels P. H. et al., Hrsg, Elsevier, Amsterdam-New York-Oxford, 1985) entnommen werden. Unter Vektoren sind außer Plasmiden auch alle anderen dem Fachmann bekannten Vektoren, wie beispielsweise Phagen, Transposons, IS-Elemente, Phasmide, Cosmide, und lineare oder zirkuläre DNA zu verstehen. Diese Vektoren

können autonom im Wirtsorganismus repliziert oder chromosomal repliziert werden.

Zur Verstärkung wurden erfindungsgemäße metF-Gene beispielhaft mit Hilfe von episomalen Plasmiden überexprimiert. Als Plasmide eignen sich solche, die in coryneformen Bakterien repliziert werden. Zahlreiche bekannte Plasmidvektoren, wie z. B. pZ1 (Menkel et al., Applied and Environmental Microbiology (1989) 64: 549-554), pEKEx1 (Eikmanns et al., Gene 102: 93-98 (1991)) oder pHS2-1 (Sonnen et al., Gene 107: 69-74 (1991)) beruhen auf den kryptischen Plasmiden pHM1519, pBL1 oder pGA1. Andere Plasmidvektoren, wie z. B. pCLiK5MCS, oder solche, die auf pCG4 (US-A 4,489,160) oder pNG2 (Serwold-Davis et al., FEMS Microbiology Letters 66, 119-124 (1990)) oder pAG1 (US-A 5,158,891) beruhen, können in gleicher Weise verwendet werden.

Weiterhin eignen sich auch solche Plasmidvektoren mit Hilfe derer man das Verfahren der Genamplifikation durch Integration in das Chromosom anwenden kann, so wie es beispielsweise von Remscheid et al. (Applied and Environmental Microbiology 60,126-132 (1994)) zur Duplikation bzw. Amplifikation des hom-thrB-Operons beschrieben wurde. Bei dieser Methode wird das vollständige Gen in einen Plasmidvektor kloniert, der in einem Wirt (typischerweise E. coli), nicht aber in C. glutamicum replizieren kann. Als Vektoren kommen beispielsweise pSUP301 (Simon et al., Bio/ Technology 1,784-791 (1983)), pK18mob oder pK19mob (Schäfer et al., Gene 145,69-73 (1994)), Bernard et al., Journal of Molecular Biology, 234: 534-541 (1993)), pEM1 (Schrumpf et al. 1991, Journal of Bacteriology 173: 4510-4516) oder pBGS8 (Spratt et al., 1986, Gene 41: 337-342) in Frage. Der Plasmidvektor, der das zu amplifizierende Gen enthält, wird anschließend durch Transformation in den gewünschten Stamm von C. glutamicum überführt. Methoden zur Transformation sind beispielsweise bei Thierbach et al. (Applied Microbiology and Biotechnology 29, 356-362 (1988)), Dunican und Shivnan (Biotechnology 7, 1067-1070 (1989)) und Tauch et al. (FEMS Microbiological Letters 123,343-347 (1994)) beschrieben.

Enzyme können durch Mutationen in den korrespondierenden Genen derart in ihrer Aktivität beeinflusst werden, dass es zu einer teilweisen oder vollständigen Verringerung der Reaktionsgeschwindigkeit der enzymatischen Reaktion kommt. Beispiele für solche Mutationen sind dem Fachmann bekannt (Motoyama H. Yano H. Terasaki Y. Anazawa H. Applied & Environmental Microbiology. 67:3064-70, 2001, Eikmanns BJ. Eggeling L. Sahm H. Antonie van Leeuwenhoek. 64:145-63, 1993-94.)

Zusätzlich kann es für die Produktion von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, vorteilhaft sein, neben einer Expression bzw. Verstärkung eines erfindungsgemäßen metF-Gen eines oder mehrere Enzyme des jeweiligen Biosyntheseweges, des Cystein-Stoffwechselwegs, der Aspartatsemialdehyd-Synthese, der Glykolyse, der Anaplerotik, des Pen-

tose-Phosphat-Stoffwechsels, des Zitronensäure-Zyklus oder des Aminosäure-Exports zu verstärken.

So kann für die Herstellung von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, eines oder mehrere der folgenden Gene verstärkt sein:

- das für eine Aspartatkinase kodierende Gen *lysC* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 281),
- das für eine Aspartat-Semialdehyd Dehydrogenase kodierende Gen *asd* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 282),

- das für die Glycerinaldehyd-3-Phosphat Dehydrogenase kodierende Gen *gap* (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174: 6076-6086),

- das für die 3-Phosphoglycerat Kinase kodierende Gen *pgk* (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174: 6076-6086),

- das für die Pyruvat Carboxylase kodierende Gen *pyc* (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174: 6076-6086),

- das für die Triosephosphat Isomerase kodierende Gen *tpi* (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174: 6076-6086),

- das für die Homoserin O-Acetyltransferase kodierende Gen *metA* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 725),

- das für die Cystathionin-gamma-Synthase kodierende Gen *metB* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3491),

- das für die Cystathionin-gamma-Lyase kodierende Gen *metC* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3061),

- das für die Serin-Hydroxymethyltransferase kodierende Gen *glyA* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 1110),

- das für die O-Acetylhomoserin-Sulfhydrylase kodierende Gen *metY* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 726),

- das für die Methionin Synthase kodierende Gen *metH* (EP 1 108 790 A2),

- das für die Phosphoserin-Aminotransferase kodierende Gen *serC* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 928)

- eines für die Phosphoserin-Phosphatase kodierende Gen *serB* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 334, DNA-SEQ NO. 467, DNA-SEQ NO. 2767)

- das für die Serine Acetyl-Transferase kodierende Gen *cysE* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 2818)

- das für eine Homoserin-Dehydrogenase kodierende Gen *hom* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 1306)

So kann für die Herstellung von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, in coryneformen Bakterien, vorteilhaft sein, gleichzeitig wenigstens eines der nachfolgenden Gene

zu mutieren, so dass die korrespondierenden Proteine, verglichen mit nicht mutierten Proteinen, in geringerem Maße oder nicht durch einen Stoffwechselmetaboliten in ihrer Aktivität beeinflusst werden:

- 5 - das für eine Aspartatkinase kodierende Gen *lysC* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 281),
- das für die Pyruvat Carboxylase kodierende Gen *pyc* (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174: 6076-6086),
- das für die Homoserin O-Acetyltransferase kodierende Gen *metA* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 725),
- 10 - das für die Cystathionin-gamma-Synthase kodierende Gen *metB* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3491),
- das für die Cystathionin-gamma-Lyase kodierende Gen *metC* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3061),
- das für die Serin-Hydroxymethyltransferase kodierende Gen *glyA* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 1110),
- 15 - das für die O-Acetylhomoserin-Sulfhydrylase kodierende Gen *metY* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 726),
- das für die Methionin Synthase kodierende Gen *metH* (EP 1 108 790 A2),
- das für die Phosphoserin-Aminotransferase kodierende Gen *serC* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 928)
- 20 - eines für die Phosphoserin-Phosphatase kodierende Gen *serB* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 334, DNA-SEQ NO. 467, DNA-SEQ NO. 2767)
- das für die Serine Acetyl-Transferase kodierende Gen *cysE* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 2818)
- 25 - das für eine Homoserin-Dehydrogenase kodierende Gen *hom* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 1306)

Weiterhin kann es für die Produktion von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, vorteilhaft sein, zusätzlich zur Expression bzw. Verstärkung eines der erfindungsge-
30 mäßigen *metF*-Gene eines oder mehrere der folgenden Gene abzuschwächen, insbesondere deren Expression zu verringern, oder auszuschalten:

- das für die Homoserine-Kinase kodierende Gen *thrB* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3453)
- das für die Threonin Dehydratase kodierende Gen *ilvA* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 2328)
- 35 - das für die Threonin Synthase kodierende Gen *thrC* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3486)
- das für die Meso-Diaminopimelat D-Dehydrogenase kodierende Gen *ddh* (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3494)

- das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierende Gen pck (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3157)

- das für die Glucose-6-Phosphat-6-Isomerase kodierende Gen pgi (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 950)

5 - das für die Pyruvat-Oxidase kodierende Gen poxB (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 2873)

- das für die Dihydrodipicolinat Synthase kodierende Gen dapA (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3476)

- das für die Dihydrodipicolinat Reduktase kodierende Gen dapB (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3477)

10 - das für die Diaminopicolinat Decarboxylase kodierende Gen lysA (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3451)

Weiterhin kann es für die Produktion von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, vorteilhaft sein, zusätzlich zur Expression bzw. Verstärkung eines der erfindungsgemäßen metF-Gene in coryneformen Bakterien gleichzeitig wenigstens eines der folgenden Gene so zu mutieren, dass die enzymatische Aktivität des korrespondierenden Proteins teilweise oder vollständig verringert wird:

- das für die Homoserine-Kinase kodierende Gen thrB (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3453)

20 - das für die Threonin Dehydratase kodierende Gen ilvA (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 2328)

- das für die Threonin Synthase kodierende Gen thrC (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3486)

- das für die Meso-Diaminopimelat D-Dehydrogenase kodierende Gen ddh (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3494)

25 - das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierende Gen pck (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3157)

- das für die Glucose-6-Phosphat-6-Isomerase kodierende Gen pgi (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 950)

- das für die Pyruvat-Oxidase kodierende Gen poxB (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 2873)

30 - das für die Dihydrodipicolinat Synthase kodierende Gen dapA (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3476)

- das für die Dihydrodipicolinat Reduktase kodierende Gen dapB (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3477)

35 - das für die Diaminopicolinat Decarboxylase kodierende Gen lysA (EP 1 108 790 A2; DNA-SEQ NO. 3451)

Weiterhin kann es für die Produktion von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, vorteilhaft sein, neben der Expression bzw. Verstärkung eines erfindungsgemäßen

metF-Gens unerwünschte Nebenreaktionen auszuschalten (Nakayama: "Breeding of Amino Acid Producing Microorganisms", in: Overproduction of Microbial Products, Krumphanzl, Sikyta, Vaneek (eds.), Academic Press, London, UK, 1982).

- 5 Die erfindungsgemäß hergestellten Mikroorganismen können kontinuierlich oder diskontinuierlich im batch- Verfahren (Satzkultivierung) oder im fed batch (Zulaufverfahren) oder repeated fed batch Verfahren (repetitives Zulaufverfahren) zur Produktion von schwefelhaltige Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, kultiviert werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden ist im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozeßtechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) zu finden.

- 15 Das zu verwendende Kulturmedium hat in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme zu genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedener Mikroorganismen sind im Handbuch "Manual of Methods für General Bacteriology" der American Society für Bacteriology (Washington D. C., USA, 1981) enthalten.

- 20 Diese erfindungsgemäß einsetzbaren Medien umfassen gewöhnlich eine oder mehreren Kohlenstoffquellen, Stickstoffquellen, anorganische Salze, Vitamine und/oder Spurenelemente.

- 25 Bevorzugte Kohlenstoffquellen sind Zucker, wie Mono-, Di- oder Polysaccharide. Sehr gute Kohlenstoffquellen sind beispielsweise Glucose, Fructose, Mannose, Galactose, Ribose, Sorbose, Ribulose, Lactose, Maltose, Saccharose, Raffinose, Stärke oder Cellulose. Man kann Zucker auch über komplexe Verbindungen, wie Melassen, oder andere Nebenprodukte der Zucker-Raffinierung zu den Medien geben. Es kann auch vorteilhaft sein, Gemische verschiedener Kohlenstoffquellen zuzugeben. Andere mögliche Kohlenstoffquellen sind Öle und Fette wie z. B. Sojaöl. Sonnenblumenöl. Erdnußöl und Kokosfett, Fettsäuren wie z. B. Palmitinsäure, Stearinsäure oder Linolsäure, Alkohole wie z. B. Glycerin, Methanol oder Ethanol und organische Säuren wie z. B. Essigsäure oder Milchsäure.

- 30 Stickstoffquellen sind gewöhnlich organische oder anorganische Stickstoffverbindungen oder Materialien, die diese Verbindungen enthalten. Beispielhafte Stickstoffquellen umfassen Ammoniak-Gas oder Ammoniumsalze, wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat oder Ammoniumnitrat, Nitrate, Harnstoff, Aminosäuren oder komplexe Stickstoffquellen, wie Maisquellwasser, Sojamehl, Sojaprotein, Hefeextrakt, Fleischextrakt und andere. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

Anorganische Salzverbindungen, die in den Medien enthalten sein können, umfassen die Chlo-

rid-, Phosphor- oder Sulfatsalze von Calcium, Magnesium, Natrium, Kobalt, Molybdän, Kalium, Mangan, Zink, Kupfer und Eisen

Als Schwefelquelle für die Herstellung von schwefelhaltigen Feinchemikalien, insbesondere von Methionin, können anorganische schwefelhaltige Verbindungen wie beispielsweise Sulfate, Sulfite, Dithionite, Tetrathionate, Thiosulfate, Sulfide aber auch organische Schwefelverbindungen, wie Mercaptane und Thiole, verwendet werden.

Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium haltigen Salze verwendet werden.

Chelatbildner können zum Medium gegeben werden, um die Metallionen in Lösung zu halten. Besonders geeignete Chelatbildner umfassen Dihydroxyphenole, wie Catechol oder Protocatechuat, oder organische Säuren, wie Citronensäure.

Die erfindungsgemäß eingesetzten Fermentationsmedien enthalten üblicherweise auch andere Wachstumsfaktoren, wie Vitamine oder Wachstumsförderer, zu denen beispielsweise Biotin, Riboflavin, Thiamin, Folsäure, Nikotinsäure, Panthothenat und Pyridoxin gehören. Wachstumsfaktoren und Salze stammen häufig von komplexen Medienkomponenten, wie Hefeextrakt, Melassen, Maisquellwasser und dergleichen. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genaue Zusammensetzung der Medienverbindungen hängt stark vom jeweiligen Experiment ab und wird für jeden spezifischen Fall individuell entschieden. Information über die Medienoptimierung ist erhältlich aus dem Lehrbuch "Applied Microbiol. Physiology, A Practical Approach" (Hrsg. P.M. Rhodes, P.F. Stanbury, IRL Press (1997) S. 53-73, ISBN 0 19 963577 3). Wachstumsmedien lassen sich auch von kommerziellen Anbietern beziehen, wie Standard 1 (Merck) oder BHI (Brain heart infusion, DIFCO) und dergleichen.

Sämtliche Medienkomponenten werden, entweder durch Hitze (20 min bei 1,5 bar und 121°C) oder durch Sterilfiltration, sterilisiert. Die Komponenten können entweder zusammen oder nötigenfalls getrennt sterilisiert werden. Sämtliche Medienkomponenten können zu Beginn der Anzucht zugegen sein oder wahlfrei kontinuierlich oder chargenweise hinzugegeben werden.

Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise zwischen 15°C und 45°C, vorzugsweise bei 25°C bis 40°C und kann während des Experimentes konstant gehalten oder verändert werden. Der pH-Wert des Mediums sollte im Bereich von 5 bis 8,5, vorzugsweise um 7,0 liegen. Der pH-Wert für die Anzucht läßt sich während der Anzucht durch Zugabe von basische Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak bzw. Ammoniakwasser oder saure Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure kontrollieren. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung

können Antischaummittel, wie z. B. Fettsäurepolyglykolester, eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe, wie z. B. Antibiotika, hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten, werden Sauerstoff oder Sauerstoff haltige Gasmischungen, wie z. B. Umgebungsluft, in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum des gewünschten Produktes gebildet hat. Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

Die so erhaltenen, insbesondere L-Methionin enthaltenden, Fermentationsbrühen haben üblicherweise eine Trockenmasse von 7,5 bis 25 Gew.-%.

Vorteilhaft ist außerdem auch, wenn die Fermentation zumindest am Ende, insbesondere jedoch über mindestens 30% der Fermentationsdauer zuckerlimitiert gefahren wird. Das heißt, dass während dieser Zeit die Konzentration an verwertbarem Zucker im Fermentationsmedium auf ≥ 0 bis 3 g/l gehalten, beziehungsweise abgesenkt wird.

Die Fermentationsbrühe wird anschließend weiterverarbeitet. Je nach Anforderung kann die Biomasse ganz oder teilweise durch Separationsmethoden, wie z. B. Zentrifugation, Filtration, Dekantieren oder einer Kombination dieser Methoden aus der Fermentationsbrühe entfernt oder vollständig in ihr belassen werden.

Anschließend kann die Fermentationsbrühe mit bekannten Methoden, wie z. B. mit Hilfe eines Rotationsverdampfers, Dünnschichtverdampfers, Fallfilmverdampfers, durch Umkehrosmose, oder durch Nanofiltration, eingedickt beziehungsweise aufkonzentriert werden. Diese aufkonzentrierte Fermentationsbrühe kann anschließend durch Gefriertrocknung, Sprühtrocknung, Sprühgranulation oder durch anderweitige Verfahren aufgearbeitet werden.

Es ist aber auch möglich die schwefelhaltigen Feinchemikalien, insbesondere L-Methionin, weiter aufzureinigen. Hierzu wird die produkthaltige Brühe nach dem Abtrennen der Biomasse einer Chromatographie mit einem geeigneten Harz unterworfen, wobei das gewünschte Produkt oder die Verunreinigungen ganz oder teilweise auf dem Chromatographieharz zurückgehalten werden. Diese Chromatographieschritte können nötigenfalls wiederholt werden, wobei die gleichen oder andere Chromatographieharze verwendet werden. Der Fachmann ist in der Auswahl der geeigneten Chromatographieharze und ihrer wirksamsten Anwendung bewandert. Das gereinigte Produkt kann durch Filtration oder Ultrafiltration konzentriert und bei einer Temperatur aufbewahrt werden, bei der die Stabilität des Produktes maximal ist.

Die Identität und Reinheit der isolierten Verbindung(en) kann durch Techniken des Standes der

Technik bestimmt werden. Diese umfassen Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (HPLC), spektroskopische Verfahren, Färbeverfahren, Dünnschichtchromatographie, NIRS, Enzymtest oder mikrobiologische Tests. Diese Analyseverfahren sind zusammengefaßt in: Patek et al. (1994) Appl. Environ. Microbiol. 60:133-140; Malakhova et al. (1996) Biotekhnologiya 11 27-32; und Schmidt et al. (1998) Bioprocess Engineer. 19:67-70. Ulmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry (1996) Bd. A27, VCH: Weinheim, S. 89-90, S. 521-540, S. 540-547, S. 559-566, 575-581 und S. 581-587; Michal, G (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley and Sons; Fallon, A. et al. (1987) Applications of HPLC in Biochemistry in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, Bd. 17.

Die Erfindung wird nun anhand der folgenden nicht-limitierenden Beispiele und unter Bezugnahme auf beiliegende Figuren näher beschrieben. Dabei zeigt

Figur 1 die Plasmidkarte zu Plasmid pClysC;

Figur 2 die Plasmidkarte zu Plasmid pCISlysCthr311ile;

Figur 3 die Plasmidkarte zu Plasmid pC_metF_Cd.

Restriktionsschnittstellen mit der entsprechenden Positionsangabe in Klammern sind in den Plasmidkarten angegeben. Wesentliche Sequenzabschnitte sind fettgedruckt beschrieben. KanR steht für Kanamycin-Resistenzgen; ask steht für Aspartatkinasegen.

Beispiel 1: Konstruktion von pCLiK5MCS

Zunächst wurden Ampicillinresistenz und Replikationsursprung des Vektors pBR322 mit den Oligonukleotiden p1.3 (SEQ ID NO:55) und p2.3 (SEQ ID NO:56) mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) amplifiziert.

p1.3 (SEQ ID NO:55)

5'-CCCGGGATCCGCTAGCGGCGCGCCGGCCGGCCCGGTGTGAAATACCGCACAG-3'

p2.3 (SEQ ID NO:56)

5'-TCTAGACTCGAGCGGCCGCGGCCGGCCTTTAAATTGAAGACGAAAGGGCCTCG-3'

Neben den zu pBR322 komplementären Sequenzen, enthält das Oligonukleotid p1.3 (SEQ ID NO:55) in 5'-3' Richtung die Schnittstellen für die Restriktionsendonukleasen SmaI, BamHI, NheI und AscI und das Oligonukleotid p2.3 (SEQ ID NO:56) in 5'-3' Richtung die Schnittstellen für die Restriktionsendonukleasen XbaI, XhoI, NotI und DraI. Die PCR Reaktion wurde nach Stan-

dardmethode wie Innis et al. (PCR Protocols. A Guide to Methods and Applications, Academic Press (1990)) mit PfuTurbo Polymerase (Stratagene, La Jolla, USA) durchgeführt. Das erhaltene DNA Fragment mit einer Größe von ungefähr 2,1 kb wurde mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt. Die stumpfen Enden des DNA-Fragmentes wurden mit dem Rapid DNA Ligation Kit (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers miteinander ligiert und der Ligationsansatz nach Standardmethoden wie in Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben(1989)), in kompetente E.coli XL-1Blue (Stratagene, La Jolla, USA) transformiert. Eine Selektion auf Plasmid tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Ampicillin (50µg/ml) haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht.

Die Plasmid-DNA eines individuellen Klons wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Qiagen, Hilden) nach Angaben des Herstellers isoliert und über Restriktionsverdaus überprüft. Das so erhaltene Plasmid erhält den Namen pCLiK1.

Ausgehend vom Plasmid pWLT1 (Liebl et al., 1992) als Template für eine PCR Reaktion wurde mit den Oligonukleotiden neo1 (SEQ ID NO:57) und neo2 (SEQ ID NO:58) eine Kanamycin-Resistenzcassette amplifiziert.

neo1 (SEQ ID NO:57):

5'-GAGATCTAGACCCGGGGATCCGCTAGCGGGCTGCTAAAGGAAGCGGA-3'

neo2 (SEQ ID NO:58):

5'-GAGAGGCGCGCCGCTAGCGTGGGCGAAGAACTCCAGCA-3'

Neben den zu pWLT1 komplementären Sequenzen, enthält das Oligonukleotid neo1 in 5'-3' Richtung die Schnittstellen für die Restriktionsendonukleasen XbaI, SmaI, BamHI, NheI und das Oligonukleotid neo2 (SEQ ID NO:58) in 5'-3' Richtung die Schnittstellen für die Restriktionsendonukleasen AscI und NheI. Die PCR Reaktion wurde nach Standardmethode wie Innis et al. (PCR Protocols. A Guide to Methods and Applications, Academic Press (1990)) mit PfuTurbo Polymerase (Stratagene, La Jolla, USA) durchgeführt. Das erhaltene DNA Fragment mit einer Größe von ungefähr 1,3 kb wurde mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt. Das DNA-Fragment wurde mit den Restriktionsendonukleasen XbaI und AscI (New England Biolabs, Beverly, USA) geschnitten und im Anschluß daran erneut mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt. Der Vektor pCLiK1 wurde ebenfalls mit den Restriktionsendonukleasen XbaI und AscI geschnitten und mit alkalischer Phosphatase (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers

dephosphoryliert. Nach Elektrophorese in einem 0,8%igen Agarosegel wurde der linearisierte Vektor (ca. 2,1kb) mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers isoliert. Dieses Vektor-Fragment wurde mit Hilfe des Rapid DNA Ligation Kit (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers mit dem geschnittenen PCR Fragment ligiert und der Ligationsansatz nach Standardmethoden wie in Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben (1989)), in kompetente E.coli XL-1Blue (Stratagene, La Jolla, USA) transformiert. Eine Selektion auf Plasmid tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Ampicillin (50µg/ml) und Kanamycin (20µg/ml) haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht.

Die Plasmid-DNA eines individuellen Klons wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Qiagen, Hilden) nach Angaben des Herstellers isoliert und über Restriktionsverdaus überprüft. Das so erhaltene Plasmid erhält den Namen pCLiK2.

Der Vektor pCLiK2 wurde mit der Restriktionsendonuklease DraI (New England Biolabs, Beverly, USA) geschnitten. Nach Elektrophorese in einem 0,8%igen Agarosegel wurde ein ca. 2,3 kb großes Vektorfragment mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers isoliert. Dieses Vektor-Fragment wurde mit Hilfe des Rapid DNA Ligation Kit (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers religiert und der Ligationsansatz nach Standardmethoden wie in Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben (1989)), in kompetente E.coli XL-1Blue (Stratagene, La Jolla, USA) transformiert. Eine Selektion auf Plasmid tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Kanamycin (20µg/ml) haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht.

Die Plasmid-DNA eines individuellen Klons wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Qiagen, Hilden) nach Angaben des Herstellers isoliert und über Restriktionsverdaus überprüft. Das so erhaltene Plasmid erhält den Namen pCLiK3.

Ausgehend vom Plasmid pWLQ2 (Liebl et al., 1992) als Template für eine PCR Reaktion wurde mit den Oligonukleotiden cg1 ((SEQ ID NO:59) und cg2 (SEQ ID NO:60) der Replikationsursprung pHM1519 amplifiziert.

cg1 (SEQ ID NO:59):

5'-GAGAGGGCGGCCGCGCAAAGTCCCGCTTCGTGAA-3'

cg2 (SEQ ID NO:60):

5'-GAGAGGGCGGCCGCTCAAGTCGGTCAAGCCACGC-3'

Neben den zu pWLQ2 komplementären Sequenzen, enthalten die Oligonukleotide cg1 (SEQ ID NO:59) und cg2 (SEQ ID NO:60) Schnittstellen für die Restriktionsendonuklease NotI. Die PCR Reaktion wurde nach Standardmethode wie Innis et al. (PCR Protocols. A Guide to Methods and Applications, Academic Press (1990)) mit PfuTurbo Polymerase (Stratagene, La Jolla, USA) durchgeführt. Das erhaltene DNA Fragment mit einer Größe von ungefähr 2,7 kb wurde mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt. Das DNA-Fragment wurde mit der Restriktionsendonuklease NotI (New England Biolabs, Beverly, USA) geschnitten und im Anschluß daran erneut mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt. Der Vektor pCLiK3 wurde ebenfalls mit der Restriktionsendonuklease NotI geschnitten und mit alkalischer Phosphatase (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers dephosphoryliert. Nach Elektrophorese in einem 0,8%igen Agarosegel wurde der linearisierte Vektor (ca. 2,3kb) mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers isoliert. Dieses Vektor-Fragment wurde mit Hilfe des Rapid DNA Ligation Kit (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers mit dem geschnittenen PCR Fragment ligiert und der Ligationsansatz nach Standardmethoden wie in Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben(1989)), in kompetente E.coli XL-1Blue (Stratagene, La Jolla, USA) transformiert. Eine Selektion auf Plasmid tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Kanamycin (20µg/ml) haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht.

Die Plasmid-DNA eines individuellen Klons wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Qiagen, Hilden) nach Angaben des Herstellers isoliert und über Restriktionsverdaus überprüft. Das so erhaltene Plasmid erhält den Namen pCLiK5.

Für die Erweiterung von pCLiK5 um eine „multiple cloning site“ (MCS) wurden die beide synthetischen, weitestgehend komplementären Oligonukleotide HS445 ((SEQ ID NO:61) und HS446 (SEQ ID NO:62), die Schnittstellen für die Restriktionsendonukleasen SwaI, XhoI, AatI, ApaI, Asp718, MluI, NdeI, SpeI, EcoRV, SalI, ClaI, BamHI, XbaI und SmaI enthalten, durch gemeinsames Erhitzen auf 95°C und langsames Abkühlen zu einem doppelsträngigen DNA-Fragment vereinigt.

HS445 (SEQ ID NO:61):

5'-TCGAATTTAAATCTCGAGAGGCCTGACGTCGGGCCCGGTACCACGCGTCATATGACTAG
TTCGGACCTAGGGATATCGTCGACATCGATGCTCTTCTGCGTTAATTAACAATTGGGATCC
TCTAGACCCGGGATTAAAT-3'

HS446 (SEQ ID NO:62):

5'-GATCATTAAATCCCGGGTCTAGAGGATCCCAATTGTTAATTAACGCAGAAGAGCATCGA
TGTCGACGATATCCCTAGGTCCGAAGTAGTCATATGACGCGTGGTACCGGGCCCGACGTC
AGGCCTCTCGAGATTAAAT-3'

5

Der Vektor pCLiK5 wurde mit den Restriktionsendonuklease XhoI und BamHI (New England Biolabs, Beverly, USA) geschnitten und mit alkalischer Phosphatase (I (Roche Diagnostics, Mannheim)) nach Angaben des Herstellers dephosphoryliert. Nach Elektrophorese in einem 0,8%igen Agarosegel wurde der linearisierte Vektor (ca. 5,0 kb) mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers isoliert. Dieses Vektor-Fragment wurde mit Hilfe des Rapid DNA Ligation Kit (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers mit dem synthetischen Doppelsträngigen DNA-Fragment ligiert und der Ligationsansatz nach Standardmethoden wie in Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben(1989)), in kompetente E.coli XL-1Blue (Stratagene, La Jolla, USA) transformiert. Eine Selektion auf Plasmid tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Kanamycin (20µg/ml) haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht.

10

15

20

Die Plasmid-DNA eines individuellen Klons wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Qiagen, Hilden) nach Angaben des Herstellers isoliert und über Restriktionsverdaus überprüft. Das so erhaltene Plasmid erhält den Namen pCLiK5MCS.

25

Sequenzierungsreaktionen wurden nach Sanger et al. (1977) Proceedings of the National Academy of Sciences USA 74:5463-5467 durchgeführt. Die Sequenzierreaktionen wurden mittels ABI Prism 377 (PE Applied Biosystems, Weiterstadt) aufgetrennt und ausgewertet.

Das entstandene Plasmid pCLiK5MCS ist als SEQ ID NO: 65 aufgeführt.

Beispiel 2: Konstruktion von pCLiK5MCS integrativ sacB

30

Ausgehend vom Plasmid pK19mob (Schäfer et al., Gene 145,69-73(1994)) als Template für eine PCR Reaktion wurde mit den Oligonukleotiden BK1732 und BK1733 das Bacillus subtilis sacB Gen (kodierend für Levan Sucrase) amplifiziert.

35

BK1732 (SEQ ID NO:63):

5'-GAGAGCGGCCGCGATCCTTTTAAACCCATCAC-3'

BK1733 (SEQ ID NO:64):

5'-AGGAGCGGCCGCCATCGGCATTTTCTTTTGGC-3'

Neben den zu pEK19mobsac komplementären Sequenzen, enthalten die Oligonukleotide BK1732 und BK1733 Schnittstellen für die Restriktionsendonuklease NotI. Die PCR Reaktion wurde nach Standardmethode wie Innis et al. (PCR Protocols. A Guide to Methods and Applications, Academic Press (1990)) mit PfuTurbo Polymerase (Stratagene, La Jolla, USA) durchgeführt. Das erhaltene DNA Fragment mit einer Größe von ungefähr 1,9 kb wurde mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt. Das DNA-Fragment wurde mit der Restriktionsendonuklease NotI (New England Biolabs, Beverly, USA) geschnitten und im Anschluß daran erneut mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt.

Der Vektor pCLiK5MCS (hergestellt gemäß Beispiel 1) wurde ebenfalls mit der Restriktionsendonuklease NotI geschnitten und mit alkalischer Phosphatase (I (Roche Diagnostics, Mannheim)) nach Angaben des Herstellers dephosphoryliert. Nach Elektrophorese in einem 0,8%igen Agarosegel wurde ein ungefähr 2,4 kb großes Vektorfragment mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers isoliert. Dieses Vektor-Fragment wurde mit Hilfe des Rapid DNA Ligation Kit (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers mit dem geschnittenen PCR Fragment ligiert und der Ligationsansatz nach Standardmethoden wie in Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben(1989)), in kompetente E.coli XL-1Blue (Stratagene, La Jolla, USA) transformiert. Eine Selektion auf Plasmid tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Kanamycin (20µg/ml) haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht.

Die Plasmid-DNA eines individuellen Klons wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Qiagen, Hilden) nach Angaben des Herstellers isoliert und über Restriktionsverdaus überprüft. Das so erhaltene Plasmid erhält den Namen pCLiK5MCS integrativ sacB.

Sequenzierungsreaktionen wurden nach Sanger et al. (1977) Proceedings of the National Academy of Sciences USA 74:5463-5467 durchgeführt. Die Sequenzierreaktionen wurden mittels ABI Prism 377 (PE Applied Biosystems, Weiterstadt) aufgetrennt und ausgewertet.

Das entstandene Plasmid pCLiK5MCS integrativ sacB ist als SEQ ID NO: 66 aufgeführt.

Weitere Vektoren die zur erfindungsgemäßen Expression oder Überproduktion von metF-Genen geeignet sind, können in analoger Weise hergestellt werden.

Beispiel 3: Isolierung des lysC Gens aus dem C. glutamicum Stamm LU1479

Im ersten Schritt der Stammkonstruktion soll ein allelischer Austausch des lysC Wildtypgens, kodierend für das Enzym Aspartatkinase, in *C. glutamicum* ATCC13032, im folgenden LU1479 genannt, durchgeführt werden. Dabei soll im LysC Gen ein Nukleotidaustausch durchgeführt werden, so dass im resultierenden Protein die Aminosäure Thr an der Position 311 durch die Aminosäure Ile ausgetauscht ist.

Ausgehend von der chromosomalen DNA aus LU1479 als Template für eine PCR Reaktion wurde mit den Oligonukleotidprimern SEQ ID NO:67 und SEQ ID NO:68 lysC mit Hilfe des Pfu-Turbo PCR Systems (Stratagene USA) nach Angaben des Herstellers amplifiziert. Chromosomale DNA aus *C. glutamicum* ATCC 13032 wurde nach Tauch et al. (1995) Plasmid 33:168-179 oder Eikmanns et al. (1994) Microbiology 140:1817-1828 präpariert. Das amplifizierte Fragment wird an seinem 5'-Ende von einem Sall Restriktionsschnitt und an seinem 3'-Ende von einem MluI Restriktionsschnitt flankiert. Vor der Klonierung wurde das amplifizierte Fragment durch diese beiden Restriktionsenzyme verdaut und mit GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) aufgereinigt.

SEQ ID NO:67

5'-GAGAGAGAGACGCGTCCCAGTGGCTGAGACGCATC-3'

SEQ ID NO:68

5'-CTCTCTCTGTCGACGAATTCAATCTTACGGCCTG-3'

Das erhaltene Polynukleotid wurde über die Sall und MluI Restriktionsschnitte in pCLIK5 MCS integrativ SacB (im folgenden pCIS genannt; SEQ ID NO: 66 aus Beispiel 2) kloniert und in *E.coli* XL-1 blue transformiert. Eine Selektion auf Plasmid-tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Kanamycin (20µg/ml)-haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht. Das Plasmid wurde isoliert und durch Sequenzierung die erwartete Nukleotidsequenz bestätigt. Die Präparation der Plasmid-DNA wurde nach Methoden und mit Materialien der Firma Quiagen durchgeführt. Sequenzierungsreaktionen wurden nach Sanger et al. (1977) Proceedings of the National Academy of Sciences USA 74:5463-5467 durchgeführt. Die Sequenzierungsreaktionen wurden mittels ABI Prism 377 (PE Applied Biosystems, Weiterstadt) aufgetrennt und ausgewertet. Das erhaltene Plasmid pCIS lysC ist als SEQ ID NO:69 aufgeführt. Die entsprechende Plasmidkarte ist in Figur 1 dargestellt.

Die Sequenz SEQ ID NO:69 umfasst die folgenden wesentlichen Teilbereiche:

LOCUS pCIS\lysC 5860 bp DNA circular

FEATURES Location/Qualifiers

CDS¹⁾ 155..1420
 /vntifkey="4"
 /label=lysC
 CDS complement²⁾(3935..5356)
 5 /vntifkey="4"
 /label=sacB\Bacillus\subtilis
 promoter complement(5357..5819)
 /vntifkey="30"
 /label=Promotor\sacB
 10 C_region complement(3913..3934)
 /vntifkey="2"
 /label=sacB\downstreambereich
 CDS 1974..2765
 /vntifkey="4"
 15 /label=Kan\R
 CDS complement(3032..3892)
 /vntifkey="4"
 /label=Ori\EC\pMB

20 ¹⁾ kodierende Sequenz

²⁾ auf Komplementärstrang

Beispiel 4: Mutagenese des lysC Gens aus *C. glutamicum*

Die gerichtete Mutagenese des lysC Gens aus *C. glutamicum* (Beispiel 3) wurde mit dem
 25 QuickChange Kit (Fa. Stratagene/USA) nach Angaben des Herstellers durchgeführt. Die Muta-
 genese wurde im Plasmid pCIS lysC, SEQ ID NO:69 durchgeführt. Für den Austausch von
 thr311 nach 311ile mit Hilfe der Quickchange Methode (Stratagene) wurden folgende Oligo-
 nukleotidprimer synthetisiert

30 SEQ ID NO:70

5'-CGGCACCACCGACATCATCTTCACCTGCCCTCGTTCCG-3'

SEQ ID NO:71

5'-CGGAACGAGGGCAGGTGAAGATGATGTCGGTGGTGCCG-3'

35

Der Einsatz dieser Oligonukleotidprimer in der Quickchange Reaktion führt in dem lysC Gen zu
 einem Austausch des Nukleotids in Position 932 (von C nach T) (vgl. SEQ ID NO:72) und im
 korrespondierenden Enzym zu einem Aminosäuresubstitution in Position 311 (Thr→Ile) (vgl.
 SEQ ID NO:73). Der resultierende Aminosäureaustausch Thr311Ile im lysC Gen wurde nach

Transformation in E.coli XL1-blue und Plasmidpräparation durch Sequenzierung bestätigt. Das Plasmid erhielt die Bezeichnung pCIS lysC thr311ile und ist als SEQ ID NO:74 aufgeführt. Die entsprechende Plasmidkarte ist in Figur 2 dargestellt.

5

Die Sequenz SEQ ID NO:74 umfasst die folgenden wesentlichen Teilbereiche:

	LOCUS	pCIS\lysC\thr311ile	5860 bp	DNA	circular
	FEATURES	Location/Qualifiers			
10	CDS ¹⁾	155..1420			
		/vntifkey="4"			
		/label=lysC			
	CDS	complement ²⁾ (3935..5356)			
		/vntifkey="4"			
15		/label=sacB\Bacillus\subtilis			
	promoter	complement(5357..5819)			
		/vntifkey="30"			
		/label=Promotor\sacB			
	C_region	complement(3913..3934)			
20		/vntifkey="2"			
		/label=sacB\downstreambereich			
	CDS	1974..2765			
		/vntifkey="4"			
		/label=Kan\R			
25	CDS	complement(3032..3892)			
		/vntifkey="4"			
		/label=Ori\EC\pMB)			

¹⁾ kodierende Sequenz

30 ²⁾ auf Komplementärstrang

Das Plasmid pCIS lysC thr311ile wurde in C. glutamicum LU1479 mittels Elektroporation wie bei Liebl, et al. (1989) FEMS Microbiology Letters 53:299-303 beschrieben, transformiert. Modifikationen des Protokolls sind in DE-A-10046870 beschrieben. Die chromosomale Anordnung des lysC-Lokus einzelner Transformanten wurde mit Standardmethoden durch Southernblot und Hybridisierung, wie in Sambrook et al. (1989), Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben, überprüft. Dadurch wurde sichergestellt, dass es sich bei den Transformanten um solche handelt, die das transformierte Plasmid durch homologe Rekombination am lysC-Lokus integriert haben. Nach Wachstum solcher Kolonien über Nacht in Medien, die kein Antibiotikum enthielten, wurden die Zellen auf ein Saccharose-CM-Agarmedium (10%

Saccharose) ausplattiert und bei 30°C für 24 Stunden inkubiert.

Da das im Vektor pCIS lysC thr311ile enthaltende sacB Gen Saccharose in ein toxisches Produkt umwandelt, können nur solche Kolonien anwachsen, die das sacB Gen durch einen zweiten homologen Rekombinationsschritt zwischen dem Wildtyp lysC Gen und dem mutierten Gen
5 lysC thr311ile deletiert haben. Während der homologen Rekombination kann entweder das Wildtyp Gen oder das mutierte Gen zusammen mit dem sacB Gen deletiert werden. Wenn das sacB Gen zusammen mit dem Wildtyp Gen entfernt wird, resultiert eine mutierte Transformante.

Anwachsende Kolonien wurden gepickt, und auf eine Kanamycin-sensitiven Phänotyp hin untersucht.
10 Klonen mit deletiertem SacB Gen müssen gleichzeitig Kanamycin-sensitives Wachstumsverhalten zeigen. Solche Kan-sensitiven Klone wurde im einem Schüttelkolben auf ihre Lysin-Produktivität hin untersucht (siehe Beispiel 6). Zum Vergleich wurde der nichtbehandelte Stamm LU1479 angezogen. Klone mit einer gegenüber der Kontrolle erhöhten Lysin-Produktion wurden selektiert, chromosomale DNA wurde gewonnen und der entsprechende Bereich des lysC Gens
15 wurde durch eine PCR-Reaktion amplifiziert und sequenziert. Ein solcher Klon mit der Eigenschaft erhöhter Lysin-Synthese und nachgewiesener Mutation in lysC an der Stelle 932 wurde mit LU1479 lysC 311ile bezeichnet).

Beispiel 5: Herstellung Ethionin-resistenter *C. glutamicum* Stämme

20 Im zweiten Schritt der Stammkonstruktion wurde der erhaltene Stamm LU1479 lysC 311ile (Beispiel 4) behandelt, um eine Ethionin-Resistenz (Kase, H. Nakayama K.Agr. Biol. Chem. 39 153-106 1975 L-methionine production by methionine analog-resistant mutants of *Corynebacterium glutamicum*) zu induzieren: Eine Übernachtskultur in BHI-Medium (Difco) wurde in Citratpuffer
25 (50mM pH 5,5) gewaschen und bei 30°C für 20 min mit N-Methyl-nitrosoguanidin (10mg/ml in 50mM Citrat pH5,5) behandelt. Nach der Behandlung mit dem chemischen Mutagen N-Methyl-nitrosoguanidin wurden die Zellen gewaschen (Citratpuffer 50mM pH 5,5) und auf ein Medium plattiert, das aus folgenden Komponenten, berechnet auf 500ml, zusammengesetzt war: 10g (NH₄)₂SO₄, 0.5g KH₂PO₄, 0.5g K₂HPO₄, 0.125g MgSO₄·7H₂O, 21g MOPS, 50mg CaCl₂, 15mg
30 Proteokatechuat, 0,5mg Biotin, 1mg Thiamin, 5g/l D,L-Ethionin (Sigma Chemicals Deutschland), pH 7,0. Außerdem enthielt das Medium 0.5ml einer Spurensalzlösung aus: 10g/l FeSO₄·7H₂O, 1g/l MnSO₄·H₂O, 0.1g/l ZnSO₄·7H₂O, 0.02g/l CuSO₄, 0.002g/l NiCl₂·6H₂O, Alle Salze wurden in 0,1M HCl gelöst. Das fertig zusammengestellte Medium wurde sterilfiltriert und nach Zugabe von 40ml steriler 50% Glucoselösung, mit flüssigem sterilem Agar in einer Endkonzentration von
35 1,5% Agar versetzt und in Kulturschalen ausgegossen.

Auf Platten mit dem beschriebenen Medium wurden mutagenisierte Zellen aufgebracht und 3-7

Tage bei 30°C inkubiert. Erhaltene Klone wurden isoliert, mindestens einmal auf dem Selektionsmedium vereinzelt und dann auf ihre Methionin-Produktivität in einem Schüttelkolben in Medium II untersucht (siehe Beispiel 6)

5 Beispiel 6: Herstellung von Methionin mit dem Stamm LU1479 lysC 311ile ET-16.

Die in Beispiel 5 hergestellten Stämme wurden auf einer Agar-Platte mit CM-Medium für 2 Tag bei 30°C angezogen.

CM-Agar:

- 10 10,0 g/l D-Glucose, 2,5 g/l NaCl, 2,0 g/l Harnstoff, 10,0 g/l Bacto Pepton (Difco), 5,0 g/l Yeast Extract (Difco), 5,0 g/l Beef Extract (Difco), 22,0 g/l Agar (Difco), autoklaviert (20 min., 121°C)

- 15 Anschließend wurden die Zellen von der Platte abgekratzt und in Saline resuspendiert. Für die Hauptkultur wurden 10 ml Medium II und 0,5 g autoklaviertes CaCO₃ (Riedel de Haen) in einem 100 ml Erlenmeyerkolben mit der Zellsuspension bis zu einer OD_{600nm} von 1,5 beimpft und für 72h auf einem Orbitalschüttler mit 200 Upm bei 30°C inkubiert.

Medium II:

- 20 40g/l Saccharose
60g/l Melasse (auf 100% Zuckergehalt berechnet)
10g/l (NH₄)₂SO₄
0.4g/l MgSO₄*7H₂O
0.6g/l KH₂PO₄
25 0.3mg/l Thiamin*HCl
1mg/l Biotin (aus einer 1 mg/ml steril filtrierten Stammlösung die mit NH₄OH auf pH 8,0 eingestellt wurde)
2mg/l FeSO₄
2mg/l MnSO₄
30 mit NH₄OH auf pH 7,8 eingestellt, autoklaviert (121°C, 20 min). Zusätzlich wird Vitamin B12 (Hydroxycobalamin Sigma Chemicals) aus einer Stammlösung (200 µg/ml, steril filtriert) bis zu einer Endkonzentration von 100 µg/l zugegeben

- 35 Gebildetes Methionin, sowie andere Aminosäuren in der Kulturbrühe wurde mit Hilfe der Aminosäuresäure-Bestimmungsmethode von Agilent auf einer Agilent 1100 Series LC System HPLC. Eine Derivatisierung vor der Säulentrennung mit Ortho-Phthalaldehyd erlaubte die Quantifizierung der gebildeten Aminosäuren. Die Auftrennung des Aminosäuregemisch fand auf einer

Hypersil AA-Säule (Agilent) statt.

Solche Klone wurden isoliert, deren Methionin-Produktivität mindestens doppelt so hoch war, wie die des Ausgangsstamm LU1479 lysC 311ile. Ein solcher Klon wurde für die weiteren Versuche eingesetzt und bekam die Bezeichnung LU1479 lysC 311ile ET-16.

Beispiel 7: Klonierung von *metF* aus *Corynebacterium diphtheriae* und Klonierung in das Plasmid pC *metF*_Cd

10 Chromosomale DNA von *Corynebacterium diphtheriae* wurde von der American Type Strain Culture Collection (ATCC, Atlanta-USA) mit der Bestellnummer 700971D aus dem Stamm ATCC 700971 bezogen.

15 Mit den Oligonukleotidprimer SEQ ID NO:75 und SEQ ID NO:76, der chromosomalen DNA aus *C. diphtheriae* als Template und Pfu Turbo Polymerase (Fa. Stratagene) wurde mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) nach Standardmethoden wie Innis et al. (1990) PCR Protocols. A Guide to Methods and Applications, Academic Press ein DNA Fragment von ca. 1,2 kb amplifiziert, welches das *metF* Gen inklusive eines nichtkodierenden 5'-Bereiches (Promotorregion) enthält. Das amplifizierte Fragment ist an seinem 5'-Ende von einer XhoI-Restriktionsschnittstelle und am 3'-Ende von einer XbaI-Restriktionsschnittstelle flankiert, welche über die Oligonukleotidprimer eingeführt wurden.

SEQ ID NO:75

5'-GAGACTCGAGGTAGACTTTAAACCCATATTAG-3'

25 und

SEQ ID NO:76

5'-GAAGTCTAGATTAGCGAATAGCGTCGTGG-3'

30 Das erhaltene DNA Fragment wurde mit dem GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) nach Angaben des Herstellers gereinigt. Im Anschluß daran wurde es mit den Restriktionsenzymen XhoI und XbaI (Roche Diagnostics, Mannheim) gespalten und gelelektrophoretisch aufgetrennt. Anschließend wurde das ca. 1,2 kb große DNA Fragment mit GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification Kit (Amersham Pharmacia, Freiburg) aus der Agarose aufgereinigt.

35

Der Vektor pClik5MCS SEQ ID NO: 65, im folgenden pC genannt, wurde mit den Restriktionsenzymen XhoI und XbaI (Roche Diagnostics, Mannheim) geschnitten und ein ca. 5 kb großes Fragment nach elektrophoretischer Auftrennung mit GFX™PCR, DNA and Gel Band Purification

Kit isoliert.

Das Vektorfragment wurde zusammen mit dem PCR-Fragment mit Hilfe des Rapid DNA Ligation Kit (Roche Diagnostics, Mannheim) nach Angaben des Herstellers ligiert und der Ligationssansatz nach Standardmethoden wie in Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, beschrieben(1989)), in kompetente E.coli XL-1Blue (Stratagene, La Jolla, USA) transformiert. Eine Selektion auf Plasmid tragende Zellen wurde durch das Ausplattieren auf Kanamycin (20µg/ml) haltigen LB Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) erreicht.

- 10 Die Präparation der Plasmid DNA wurde nach Methoden und mit Materialien der Fa. Quiagen durchgeführt. Sequenzierungsreaktionen wurden nach Sanger et al. (1977) Proceedings of the National Academy of Sciences USA 74:5463-5467 durchgeführt. Die Sequenzierreaktionen wurden mittels ABI Prism 377 (PE Applied Biosystems, Weiterstadt) aufgetrennt und ausgewertet.
- 15 Das entstandene Plasmid pC metF_Cd (*Corynebacterium diphtheriae*) ist als SEQ ID NO:77 aufgeführt. Die entsprechende Plasmidkarte ist in Figur 3 dargestellt.

pC_metF_Cd 6142 bp DNA circular

20	FEATURE	Location/Qualifiers
	CDS	136..1158 =metF_Coryne\diphtheriae
	CDS	1508..2299 =Kan\R
25	CDS	4580..5701 =Rep\Protein
	CDS	3572..4246 =ORF\1
30	CDS	complement(2566..3426) =Ori\EC\pMB)

Beispiel 8:Transformation des Stammes LU1479 lysC 311ile ET-16 mit dem Plasmid pC metF_Cd

- 35 Der Stamm LU1479 lysC 311ile ET-16 wurde mit dem Plasmid pC metF_Cd nach der beschriebenen Methode (Liebl, et al. (1989) FEMS Microbiology Letters 53:299-303) transformiert. Die Transformationsmischung wurde auf CM-Platten plattiert, die zusätzlich 20mg/l Kanamycin enthielten, um eine Selektion auf Plasmid-haltige Zellen zu erreichen. Erhaltene Kan-
- 40 resistente Klone wurden gepickt und vereinzelt. Die Methionin-Produktivität der Klone wurde in

einem Schüttelkolbenversuch (s. Beispiel 6) untersucht. Der Stamm LU1479 lysC 311ile ET-16 pC metF_Cd produzierte im Vergleich zu LU1479 lysC 311ile ET-16 signifikant mehr Methionin.

Patentansprüche

1. Verfahren zur fermentativen Herstellung wenigstens einer schwefelhaltigen
5 Feinchemikalie, welches folgende Schritte umfasst:
 - a) Fermentation einer die gewünschte schwefelhaltige Feinchemikalie
produzierenden coryneformen Bakterienkultur, wobei in den coryneformen
Bakterien zumindest eine heterologe Nukleotidsequenz exprimiert wird,
welche für ein Protein mit Methylentetrahydrofolat Reduktase (metF) –Aktivität
10 kodiert;
 - b) Anreicherung der schwefelhaltigen Feinchemikalie im Medium oder in den
Zellen der Bakterien, und
 - c) Isolieren der schwefelhaltigen Feinchemikalie.
- 15 2. Verfahren nach Anspruch 1, wobei die schwefelhaltige Feinchemikalie L-Methionin
umfasst.
3. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei sich die heterologe metF-
kodierende Nukleotidsequenz zur metF-kodierenden Sequenz aus *Corynebacterium*
20 *glutamicum* ATCC 13032 eine Sequenzhomologie vom weniger als 100% aufweist.
4. Verfahren nach Anspruch 3, wobei die metF-kodierende Sequenz aus einem der
folgenden Organismen abgeleitet ist:

Organismus	Stammsammlung
<i>Corynebacterium diptheriae</i>	ATCC 14779
<i>Streptomyces lividans</i>	ATCC 19844
<i>Streptomyces coelicolor</i>	ATCC 10147
<i>Aquifex aeolicus</i>	DSM 6858
<i>Burkholderia cepacia</i>	ATCC 25416
<i>Nitrosomonas europaea</i>	ATCC 19718
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	ATCC 17933
<i>Xylella fastidiosa</i>	ATCC 35881
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	ATCC 13525
<i>Schizosaccharomyces pombe</i>	ATCC 24969
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	ATCC 10751
<i>Erwinia carotovora</i>	ATCC 15713
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	ATCC 700721
<i>Salmonella typhi</i>	ATCC 12839
<i>Salmonella typhimurium</i>	ATCC 15277
<i>Escherichia coli</i> K12	ATCC55151

<i>Vibrio cholerae</i>	ATCC 39315
<i>Haemophilus influenzae</i>	ATCC 51907
<i>Caulobacter crescentus</i>	ATCC 19089
<i>Actinobacillus actinomycetemcomitans</i>	ATCC 33384
<i>Neisseria meningitis</i>	ATCC 6253
<i>Rhodobacter capsulatus</i>	ATCC 11166
<i>Campylobacter jejuni</i>	ATCC 33560
<i>Lactococcus lactis</i>	ATCC 7962
<i>Prochlorococcus marinus</i>	PCC7118
<i>Bacillus stearothermophilus</i>	ATCC 12980

5. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei die metF-kodierende Sequenz eine kodierende Sequenz gemäß SEQ ID NO:1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51 und 53 oder eine dazu homologe Nukleotidsequenz, welche für ein Protein mit metF-Aktivität kodiert, umfasst.
6. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei die metF-kodierende Sequenz für ein Protein mit metF-Aktivität kodiert, wobei das Protein eine Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NO:2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52 und 54 oder eine dazu homologe Aminosäuresequenz, welche für ein Protein mit metF-Aktivität steht, umfasst.
7. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei die kodierende metF-Sequenz eine in coryneformen Bakterien replizierbare oder eine stabil in das Chromosom integrierte DNA oder eine RNA ist.
8. Verfahren gemäß Anspruch 7, wobei man
 - a) einen mit einem Plasmidvektor transformierten Bakterienstamm einsetzt der wenigstens eine Kopie der kodierenden metF-Sequenz unter der Kontrolle regulativer Sequenzen trägt, oder
 - b) einen Stamm einsetzt, in dem die kodierende metF-Sequenz in das Chromosom des Bakteriums integriert wurde
9. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei die kodierende metF-Sequenz überexprimiert wird.

10. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei man Bakterien fermentiert, in denen zusätzlich wenigstens ein weiteres Gen des Biosyntheseweges der gewünschten schwefelhaltigen Feinchemikalie verstärkt ist oder derart mutiert ist, dass es durch Stoffwechselmetabolite nicht in seiner Aktivität beeinflusst wird.

11. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei man Bakterien fermentiert, in denen wenigstens ein Stoffwechselweg zumindest teilweise ausgeschaltet ist, der die Bildung der gewünschten schwefelhaltigen Feinchemikalie verringert.

12. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei man coryneforme Bakterien fermentiert, in denen gleichzeitig wenigstens eines der Gene, ausgewählt unter

- a) dem für eine Aspartatkinase kodierenden Gen *lysC*,
- b) dem für die Glycerinaldehyd-3-Phosphat Dehydrogenase kodierenden Gen *gap*,
- c) dem für die 3-Phosphoglycerat Kinase kodierenden Gen *pgk*,
- d) dem für die Pyruvat Carboxylase kodierenden Gen *pyc*,
- e) dem für die Triosephosphat Isomerase kodierenden Gen *tpi*,
- f) dem für die Homoserin O-Acetyltransferase kodierenden Gen *metA*,
- g) dem für die Cystathionin-gamma-Synthase kodierenden Gen *metB*,
- h) dem für die Cystathionin-gamma-Lyase kodierenden Gen *metC*,
- i) dem für die Serin-Hydroxymethyltransferase kodierenden Gen *glyA*,
- j) dem für die O-Acetylhomoserin-Sulfhydrylase kodierenden Gen *metY*,
- k) dem für die Vitamin B12 abhängige Methionin-Synthase kodierende Gen *methH*,
- l) dem für die Phosphoserin-Aminotransferase kodierenden Gen *serC*,
- m) dem für die Phosphoserin-Phosphatase kodierenden Gen *serB*,
- n) dem für die Serine Acetyl-Transferase kodierenden Gen *cysE*, und
- o) dem für eine Homoserin-Dehydrogenase kodierenden Gen *hom*,

überexprimiert oder so mutiert ist, dass die korrespondierenden Proteine, verglichen mit nicht mutierten Proteinen, in geringerem Maße oder nicht durch Stoffwechselmetabolite in ihrer Aktivität beeinflusst werden.

13. Verfahren gemäß einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei man coryneformen Bakterien fermentiert, in denen gleichzeitig wenigstens eines der Gene, ausgewählt unter
- a) dem für die Homoserine-Kinase kodierenden Gen thrB,
 - b) dem für die Threonin Dehydratase kodierenden Gen ilvA,
 - 5 c) dem für die Threonin Synthase kodierenden Gen thrC
 - d) dem für die Meso-Diaminopimelat D-Dehydrogenase kodierenden Gen ddh
 - e) dem für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierenden Gen pck,
 - f) dem für die Glucose-6-Phosphat-6-Isomerase kodierenden Gen pgj,
 - 10 g) dem für die Pyruvat-Oxidase kodierenden Gen poxB,
 - h) dem für die Dihydrodipicolinat Synthase kodierenden Gen dapA,
 - i) dem für die Dihydrodipicolinat Reduktase kodierenden Gen dapB; oder
 - j) dem für die Diaminopicolinat Decarboxylase kodierenden Gen
- durch Veränderung der Expressionsrate oder durch Einführung einer gezielten Mutation abschwächt ist.
- 15
14. Verfahren gemäß einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, wobei man Mikroorganismen der Art Corynebacterium glutamicum einsetzt.
- 20
15. Verfahren zur Herstellung eines L-Methionin haltigen Tierfuttermittel-Additivs aus Fermentationsbrühen, welches folgende Schritte umfasst
- a) Kultivierung und Fermentation eines L-Methionin produzierenden Mikroorganismus in einem Fermentationsmedium;
 - b) Entfernung von Wasser aus der L-Methionin haltigen Fermentationsbrühe;
 - 25 c) Entfernung der während der Fermentation gebildeten Biomasse in einer Menge von 0 bis 100 Gew.-%; und
 - d) Trocknung der gemäß b) und/oder c) erhaltenen Fermentationsbrühe, um das Tierfuttermittel-Additiv in der gewünschten Pulver- oder Granulatform zu erhalten.
- 30
16. Verfahren gemäß Anspruch 15, wobei man Mikroorganismen gemäß der Definition in einem der Ansprüche 1 bis 14 einsetzt.

1/3

Fig. 1

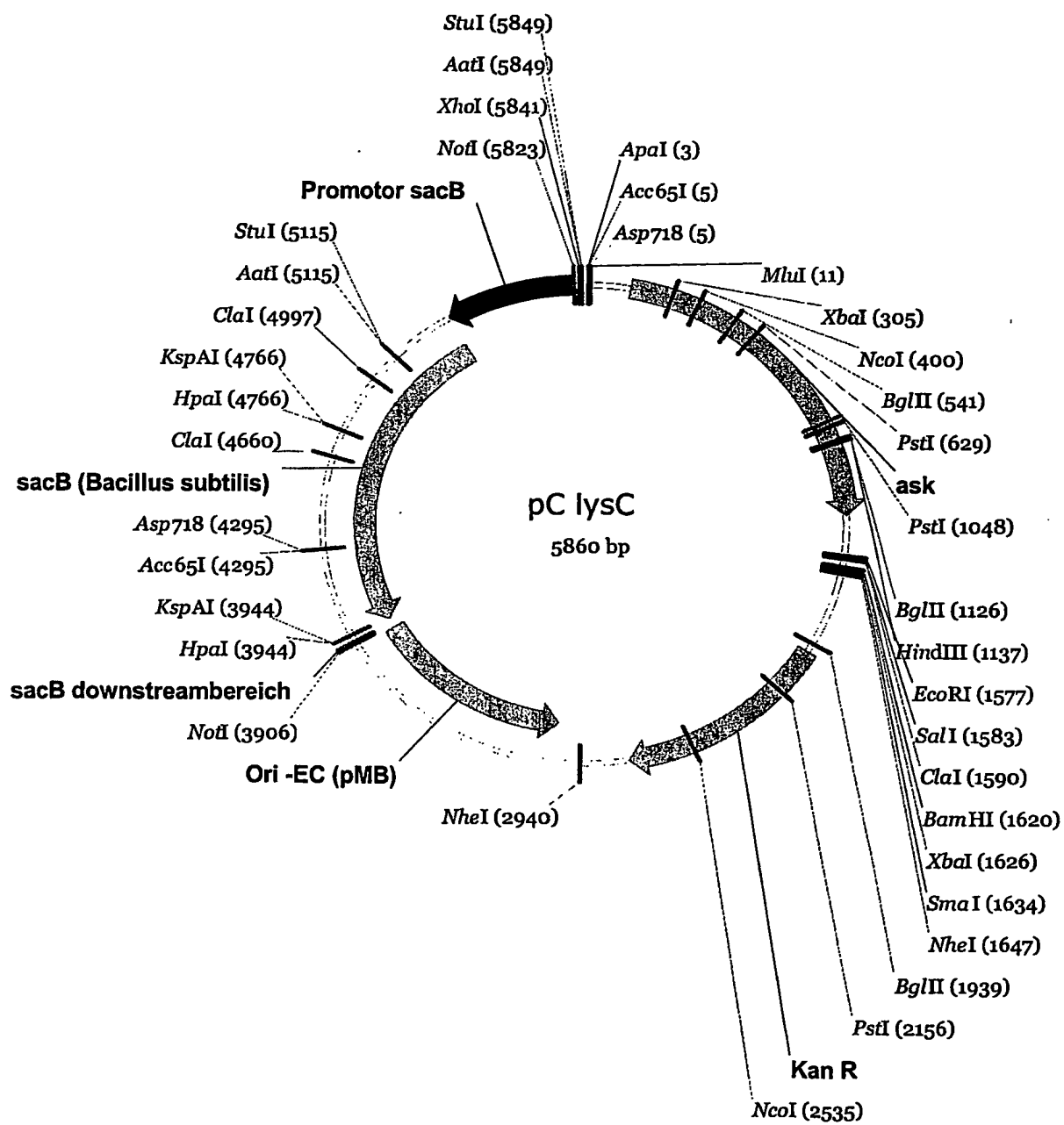
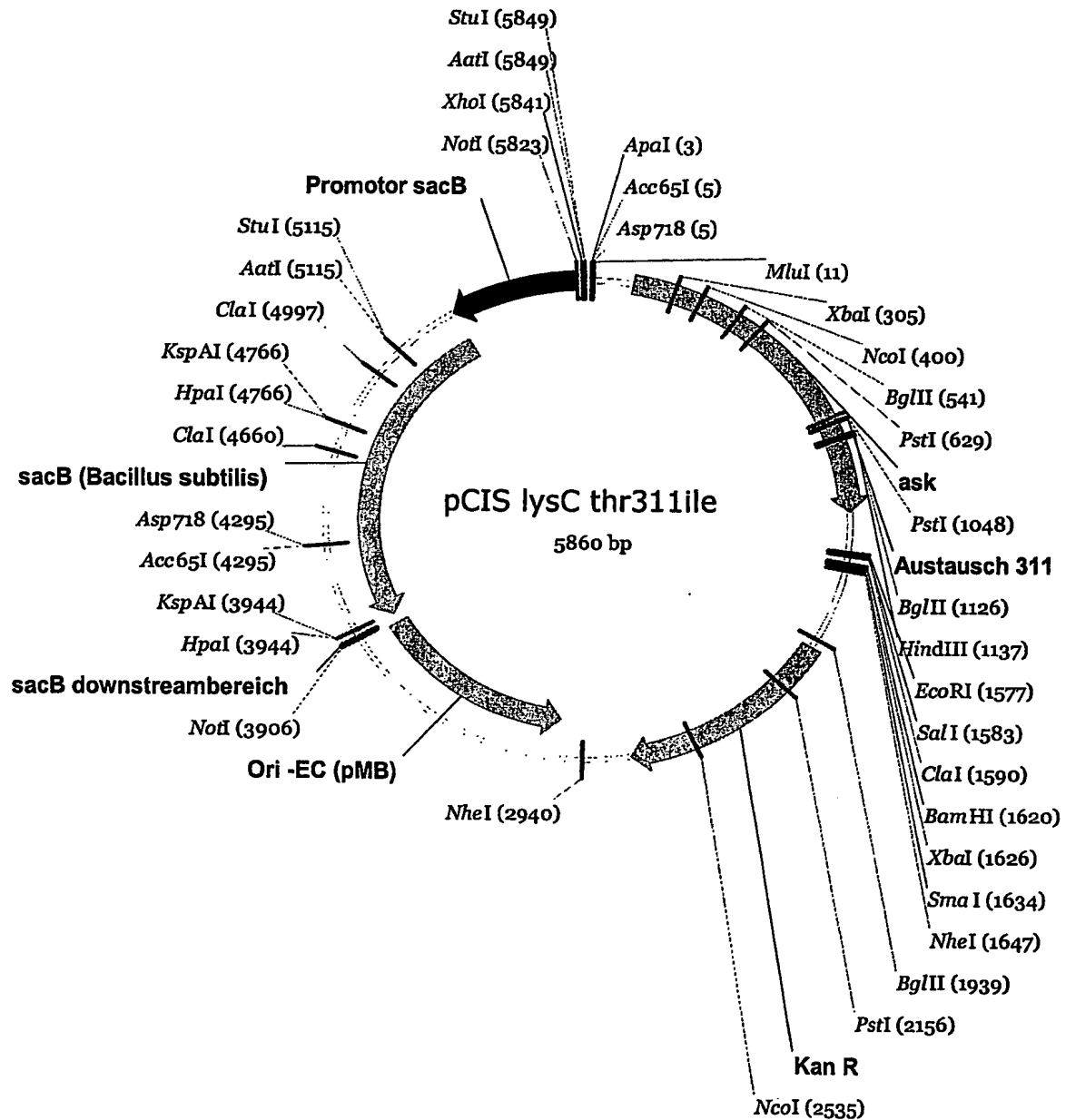
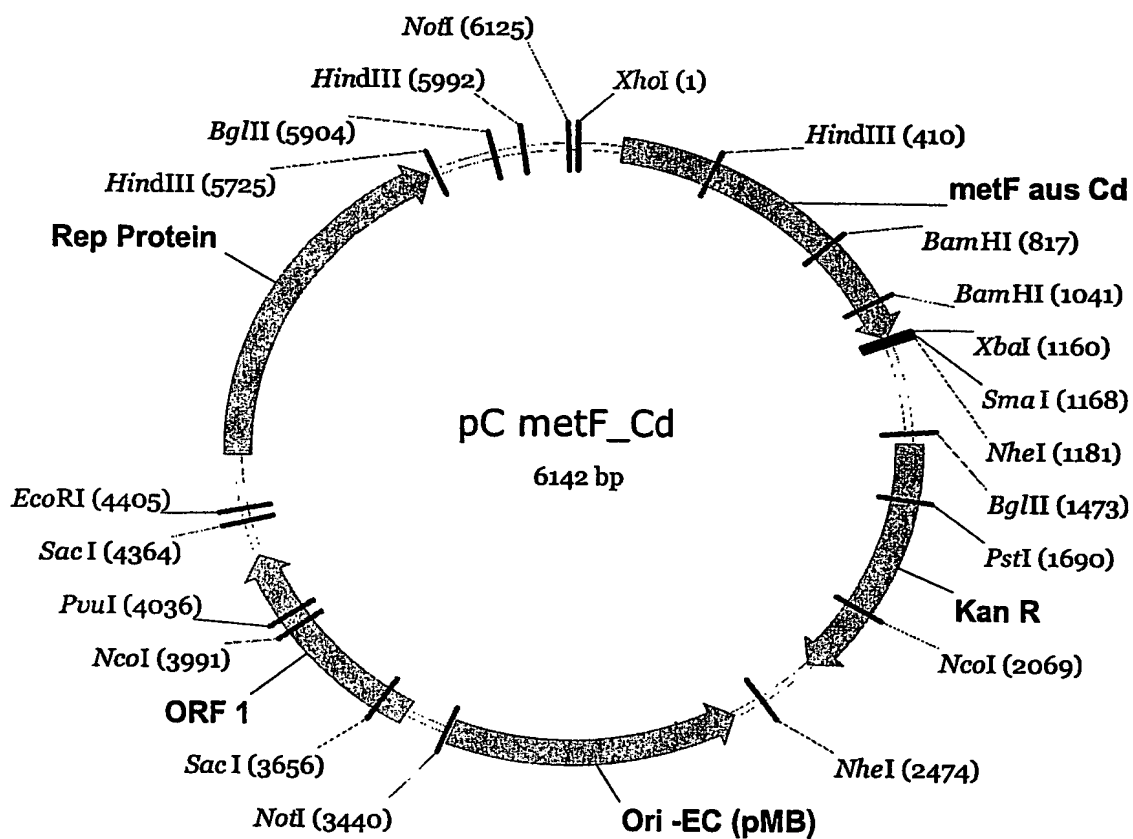


Fig. 2



3/3

Fig. 3

SEQUENZPROTOKOLL

<110> BASF Aktiengesellschaft

<120> MetF

<130> M/43126

<140>

<141>

<160> 66

<210> 1

<211> 984

<212> DNA

<213> corynebacterium diptheriae

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (981)

<223> RDI01260

<400> 1

atg tct gca caa ccg cta cct gct gcg tat cag cgc aca atc acc gat	48
Met Ser Ala Gln Pro Leu Pro Ala Ala Tyr Gln Arg Thr Ile Thr Asp	
1 5 10 15	
gtc att tcc atg cca aca ccg ggc cag gtt ccg ttt tct gta gag ttt	96
Val Ile Ser Met Pro Thr Pro Gly Gln Val Pro Phe Ser Val Glu Phe	
20 25 30	
atg ccg cca cga gat gag gca gca gaa gag cga ctc tgg aaa gcc gcc	144
Met Pro Pro Arg Asp Glu Ala Ala Glu Glu Arg Leu Trp Lys Ala Ala	
35 40 45	
gaa gca ttt cac gac tta gga gcc tct ttt gtc tcc gtt act tat ggt	192
Glu Ala Phe His Asp Leu Gly Ala Ser Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly	
50 55 60	
gca ggc gga tct agc cgc gag cgc aca atg cgt gtc gcg cac aag ctt	240
Ala Gly Gly Ser Ser Arg Glu Arg Thr Met Arg Val Ala His Lys Leu	
65 70 75 80	
tct cgt cat ccg ttg acc acg ctc gtt cat ctc acg ctt gtg gaa cac	288
Ser Arg His Pro Leu Thr Thr Leu Val His Leu Thr Leu Val Glu His	
85 90 95	
acc caa gaa gaa tta gaa gaa att ctg tgc act tat gcg tcc cac ggg	336
Thr Gln Glu Glu Leu Glu Glu Ile Leu Cys Thr Tyr Ala Ser His Gly	
100 105 110	
ttg tct aac tta ctt gcc ttg cga ggc gat ccc cct ggc act gac ccg	384
Leu Ser Asn Leu Leu Ala Leu Arg Gly Asp Pro Pro Gly Thr Asp Pro	
115 120 125	
atg gct ccg tgg gtc cct acc gca ggc ggc cta gat tat gcc aaa gat	432
Met. Ala Pro Trp Val Pro Thr Ala Gly Gly Leu Asp Tyr Ala Lys Asp	
130 135 140	
ttg atc gac ctc gtg cgc aag act gag cag acc tcg cac ttt cag gta	480


```

Leu Ile Asp Leu Val Arg Lys Thr Glu Gln Thr Ser His Phe Gln Val
145                      150                      155                      160

gga att gct agt ttc cca gaa ggg cac tac cga gcg cct agc att gag 528
Gly Ile Ala Ser Phe Pro Glu Gly His Tyr Arg Ala Pro Ser Ile Glu
                      165                      170                      175

gcg gat acg caa ttt aca ttg gaa aag ctg cga gct ggc gca gag ttt 576
Ala Asp Thr Gln Phe Thr Leu Glu Lys Leu Arg Ala Gly Ala Glu Phe
                      180                      185                      190

tcg att acc cag atg ttt ttt gat gtc gat cac tat tta cga ctg cga 624
Ser Ile Thr Gln Met Phe Phe Asp Val Asp His Tyr Leu Arg Leu Arg
                      195                      200                      205

gat cgc ttg gtt aag gcg gat cct gaa cat gga tca aag ccg atc atc 672
Asp Arg Leu Val Lys Ala Asp Pro Glu His Gly Ser Lys Pro Ile Ile
210                      215                      220

cca gga ctt atg ccc att acc agc ttg agg tcg gtt cgt agg cag atg 720
Pro Gly Leu Met Pro Ile Thr Ser Leu Arg Ser Val Arg Arg Gln Met
225                      230                      235

gaa tta gca ggt gcc acc ttg cct aag gct tta gaa aaa cgg ctt ctc 768
Glu Leu Ala Gly Ala Thr Leu Pro Lys Ala Leu Glu Lys Arg Leu Leu
245                      250                      255

gac gca gcg cgc ggc gat gag gaa gct cat cgc ggc gat att cgc aaa 816
Asp Ala Ala Arg Gly Asp Glu Glu Ala His Arg Gly Asp Ile Arg Lys
260                      265                      270

gta gga atc gaa gtc act act gag atg gca cag cgt ctt att tct gaa 864
Val Gly Ile Glu Val Thr Thr Glu Met Ala Gln Arg Leu Ile Ser Glu
275                      280                      285

ggg atc cca gac atc cat ttc atg acc atg aat tat gtt cga gcg acc 912
Gly Ile Pro Asp Ile His Phe Met Thr Met Asn Tyr Val Arg Ala Thr
290                      295                      300

caa gaa gta ctc cat aat ctc ggc atg gcg ccc gcg tgg gga aca cag 960
Gln Glu Val Leu His Asn Leu Gly Met Ala Pro Ala Trp Gly Thr Gln
305                      310                      315                      320

caa ggc cac gac gct att cgc taa 984
Gln Gly His Asp Ala Ile Arg
325

```

<210> 2

<211> 327

<212> PRT

<213> corynebacterium diphtheriae

<400> 2

```

Met Ser Ala Gln Pro Leu Pro Ala Ala Tyr Gln Arg Thr Ile Thr Asp
1                      5                      10                      15

```

```

Val Ile Ser Met Pro Thr Pro Gly Gln Val Pro Phe Ser Val Glu Phe
20                      25                      30

```

```

Met Pro Pro Arg Asp Glu Ala Ala Glu Glu Arg Leu Trp Lys Ala Ala

```

35					40					45					
Glu	Ala	Phe	His	Asp	Leu	Gly	Ala	Ser	Phe	Val	Ser	Val	Thr	Tyr	Gly
50						55					60				
Ala	Gly	Gly	Ser	Ser	Arg	Glu	Arg	Thr	Met	Arg	Val	Ala	His	Lys	Leu
65					70					75					80
Ser	Arg	His	Pro	Leu	Thr	Thr	Leu	Val	His	Leu	Thr	Leu	Val	Glu	His
				85					90					95	
Thr	Gln	Glu	Glu	Leu	Glu	Glu	Ile	Leu	Cys	Thr	Tyr	Ala	Ser	His	Gly
			100					105					110		
Leu	Ser	Asn	Leu	Leu	Ala	Leu	Arg	Gly	Asp	Pro	Pro	Gly	Thr	Asp	Pro
		115					120					125			
Met	Ala	Pro	Trp	Val	Pro	Thr	Ala	Gly	Gly	Leu	Asp	Tyr	Ala	Lys	Asp
	130					135					140				
Leu	Ile	Asp	Leu	Val	Arg	Lys	Thr	Glu	Gln	Thr	Ser	His	Phe	Gln	Val
145						150					155				160
Gly	Ile	Ala	Ser	Phe	Pro	Glu	Gly	His	Tyr	Arg	Ala	Pro	Ser	Ile	Glu
				165					170					175	
Ala	Asp	Thr	Gln	Phe	Thr	Leu	Glu	Lys	Leu	Arg	Ala	Gly	Ala	Glu	Phe
			180					185					190		
Ser	Ile	Thr	Gln	Met	Phe	Phe	Asp	Val	Asp	His	Tyr	Leu	Arg	Leu	Arg
	195						200					205			
Asp	Arg	Leu	Val	Lys	Ala	Asp	Pro	Glu	His	Gly	Ser	Lys	Pro	Ile	Ile
	210					215					220				
Pro	Gly	Leu	Met	Pro	Ile	Thr	Ser	Leu	Arg	Ser	Val	Arg	Arg	Gln	Met
225						230					235				240
Glu	Leu	Ala	Gly	Ala	Thr	Leu	Pro	Lys	Ala	Leu	Glu	Lys	Arg	Leu	Leu
				245					250					255	
Asp	Ala	Ala	Arg	Gly	Asp	Glu	Glu	Ala	His	Arg	Gly	Asp	Ile	Arg	Lys
			260					265					270		
Val	Gly	Ile	Glu	Val	Thr	Thr	Glu	Met	Ala	Gln	Arg	Leu	Ile	Ser	Glu
		275					280					285			
Gly	Ile	Pro	Asp	Ile	His	Phe	Met	Thr	Met	Asn	Tyr	Val	Arg	Ala	Thr
	290					295					300				
Gln	Glu	Val	Leu	His	Asn	Leu	Gly	Met	Ala	Pro	Ala	Trp	Gly	Thr	Gln
305						310					315				320
Gln	Gly	His	Asp	Ala	Ile	Arg									
				325											

<210> 3

<211> 924

<212> DNA

<213> Streptomyces lividans

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (921)

<223> RSV00084

<400> 3

atg gcc ctc gga acc gca agc acg agg acg gat cgc gcc cgc acg gtg	48
Met Ala Leu Gly Thr Ala Ser Thr Arg Thr Asp Arg Ala Arg Thr Val	
1 5 10 15	
cggt gac atc ctc gcc acc ggc aag acg acg tac tcg ttc gag ttc tcg	96
Arg Asp Ile Leu Ala Thr Gly Lys Thr Thr Tyr Ser Phe Glu Phe Ser	
20 25 30	
gcg ccg aag acg ccc aag ggc gag aag aac ctc tgg agc gcg ctg cgg	144
Ala Pro Lys Thr Pro Lys Gly Glu Lys Asn Leu Trp Ser Ala Leu Arg	
35 40 45	
cgg gtc gag gcc gtg gcc ccg gac ttc gtc tcc gtg acc tac ggc gcc	192
Arg Val Glu Ala Val Ala Pro Asp Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala	
50 55 60	
ggc ggc tcc acg cgc gcc ggc acg gtc cgc gag acc cag cag atc gtc	240
Gly Gly Ser Thr Arg Ala Gly Thr Val Arg Glu Thr Gln Gln Ile Val	
65 70 75 80	
gcc gac acc acg ctg acc ccg gtg gcc cac ctc acc gcc gtc gac cac	288
Ala Asp Thr Thr Leu Thr Pro Val Ala His Leu Thr Ala Val Asp His	
85 90 95	
tcc gtc gcc gag ctg cgc aac atc atc ggc cag tac gcc gac gcc ggg	336
Ser Val Ala Glu Leu Arg Asn Ile Ile Gly Gln Tyr Ala Asp Ala Gly	
100 105 110	
atc cgc aac atg ctg gcc gtg cgc ggc gac ccg ccc ggc gac ccg aac	384
Ile Arg Asn Met Leu Ala Val Arg Gly Asp Pro Pro Gly Asp Pro Asn	
115 120 125	
gcc gac tgg atc gcg cac ccc gag ggc ctg acc tac gcg gcc gaa ctg	432
Ala Asp Trp Ile Ala His Pro Glu Gly Leu Thr Tyr Ala Ala Glu Leu	
130 135 140	
gtc agg ctc atc aag gag tcg gga gac ttc tgc gtc ggc gtc gcc gcc	480
Val Arg Leu Ile Lys Glu Ser Gly Asp Phe Cys Val Gly Val Ala Ala	
145 150 155 160	
ttc ccc gag atg cac ccg cgc tcc gcc gac tgg gac acg gac gtc acg	528
Phe Pro Glu Met His Pro Arg Ser Ala Asp Trp Asp Thr Asp Val Thr	
165 170 175	
aac ttc gtc gac aag tgc cgg gcc ggc gcc gac tac gcc atc acc cag	576
Asn Phe Val Asp Lys Cys Arg Ala Gly Ala Asp Tyr Ala Ile Thr Gln	
180 185 190	
atg ttc ttc cag ccc gac tcc tac ctc cgg ctg cgc gac cgg gtc gcc	624
Met Phe Phe Gln Pro Asp Ser Tyr Leu Arg Leu Arg Asp Arg Val Ala	
195 200 205	
gcg gcc ggc tgc gcg acc ccg gtc att ccc gag gtc atg ccg gtg acc	672
Ala Ala Gly Cys Ala Thr Pro Val Ile Pro Glu Val Met Pro Val Thr	

210	215	220	
agt gtg aag atg ctg gag agg ttg ccg aag ctc agc aac gcc tcg ttc			720
Ser Val Lys Met Leu Glu Arg Leu Pro Lys Leu Ser Asn Ala Ser Phe			
225	230	235	240
ccg gcg gag ctg aaa gag cgg atc ctc aca gcc aag gac gat ccg gcg			768
Pro Ala Glu Leu Lys Glu Arg Ile Leu Thr Ala Lys Asp Asp Pro Ala			
	245	250	255
gct gta cgc tcg atc ggc atc gag ttc gcc acg gag ttc tgc gcg cgg			816
Ala Val Arg Ser Ile Gly Ile Glu Phe Ala Thr Glu Phe Cys Ala Arg			
	260	265	270
ctg ctg gcc gag gga gtg cca gga ctg cac ttc atc acg ctc aac aac			864
Leu Leu Ala Glu Gly Val Pro Gly Leu His Phe Ile Thr Leu Asn Asn			
	275	280	285
tcc acg gcg acg ctg gaa atc tac gag aac ctg ggc ctg cac cac cca			912
Ser Thr Ala Thr Leu Glu Ile Tyr Glu Asn Leu Gly Leu His His Pro			
	290	295	300
ccg cgg gcc tag			924
Pro Arg Ala			
305			

<210> 4

<211> 307

<212> PRT

<213> Streptomyces lividans

<400> 4

Met	Ala	Leu	Gly	Thr	Ala	Ser	Thr	Arg	Thr	Asp	Arg	Ala	Arg	Thr	Val
1				5					10					15	
Arg	Asp	Ile	Leu	Ala	Thr	Gly	Lys	Thr	Thr	Tyr	Ser	Phe	Glu	Phe	Ser
		20					25						30		
Ala	Pro	Lys	Thr	Pro	Lys	Gly	Glu	Lys	Asn	Leu	Trp	Ser	Ala	Leu	Arg
		35				40						45			
Arg	Val	Glu	Ala	Val	Ala	Pro	Asp	Phe	Val	Ser	Val	Thr	Tyr	Gly	Ala
	50					55					60				
Gly	Gly	Ser	Thr	Arg	Ala	Gly	Thr	Val	Arg	Glu	Thr	Gln	Gln	Ile	Val
65				70					75					80	
Ala	Asp	Thr	Thr	Leu	Thr	Pro	Val	Ala	His	Leu	Thr	Ala	Val	Asp	His
			85					90						95	
Ser	Val	Ala	Glu	Leu	Arg	Asn	Ile	Ile	Gly	Gln	Tyr	Ala	Asp	Ala	Gly
		100					105						110		
Ile	Arg	Asn	Met	Leu	Ala	Val	Arg	Gly	Asp	Pro	Pro	Gly	Asp	Pro	Asn
		115					120					125			
Ala	Asp	Trp	Ile	Ala	His	Pro	Glu	Gly	Leu	Thr	Tyr	Ala	Ala	Glu	Leu
	130					135					140				
Val	Arg	Leu	Ile	Lys	Glu	Ser	Gly	Asp	Phe	Cys	Val	Gly	Val	Ala	Ala

145 150 155 160
 Phe Pro Glu Met His Pro Arg Ser Ala Asp Trp Asp Thr Asp Val Thr
 165 170 175
 Asn Phe Val Asp Lys Cys Arg Ala Gly Ala Asp Tyr Ala Ile Thr Gln
 180 185 190
 Met Phe Phe Gln Pro Asp Ser Tyr Leu Arg Leu Arg Asp Arg Val Ala
 195 200 205
 Ala Ala Gly Cys Ala Thr Pro Val Ile Pro Glu Val Met Pro Val Thr
 210 215 220
 Ser Val Lys Met Leu Glu Arg Leu Pro Lys Leu Ser Asn Ala Ser Phe
 225 230 235 240
 Pro Ala Glu Leu Lys Glu Arg Ile Leu Thr Ala Lys Asp Asp Pro Ala
 245 250 255
 Ala Val Arg Ser Ile Gly Ile Glu Phe Ala Thr Glu Phe Cys Ala Arg
 260 265 270
 Leu Leu Ala Glu Gly Val Pro Gly Leu His Phe Ile Thr Leu Asn Asn
 275 280 285
 Ser Thr Ala Thr Leu Glu Ile Tyr Glu Asn Leu Gly Leu His His Pro
 290 295 300
 Pro Arg Ala
 305

<210> 5
 <211> 924
 <212> DNA
 <213> Streptomyces coelicolor

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (921)
 <223> RSX01699

<400> 5
 atg gcc ctc gga acc gca agc acg agg acg gat cgc gcc cgc acg gtg 48
 Met Ala Leu Gly Thr Ala Ser Thr Arg Thr Asp Arg Ala Arg Thr Val
 1 5 10 15
 cgt gac atc ctc gcc acc ggc aag acg acg tac tcg ttc gag ttc tcg 96
 Arg Asp Ile Leu Ala Thr Gly Lys Thr Thr Tyr Ser Phe Glu Phe Ser
 20 25 30
 gcg ccg aag acg ccc aag ggc gag agg aac ctc tgg agc gcg ctg cgg 144
 Ala Pro Lys Thr Pro Lys Gly Glu Arg Asn Leu Trp Ser Ala Leu Arg
 35 40 45
 cgg gtc gag gcc gtg gcc ccg gac ttc gtc tcc gtg acc tac ggc gcc 192
 Arg Val Glu Ala Val Ala Pro Asp Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala
 50 55 60
 ggc ggc tcc acg cgc gcc ggc acg gtc cgc gag acc cag cag atc gtc 240

[illegible]

Pro Arg Ala
305

<210> 6

<211> 307

<212> PRT

<213> Streptomyces coelicolor

<400> 6

Met	Ala	Leu	Gly	Thr	Ala	Ser	Thr	Arg	Thr	Asp	Arg	Ala	Arg	Thr	Val	1	5	10	15
Arg	Asp	Ile	Leu	Ala	Thr	Gly	Lys	Thr	Thr	Tyr	Ser	Phe	Glu	Phe	Ser	20	25	30	
Ala	Pro	Lys	Thr	Pro	Lys	Gly	Glu	Arg	Asn	Leu	Trp	Ser	Ala	Leu	Arg	35	40	45	
Arg	Val	Glu	Ala	Val	Ala	Pro	Asp	Phe	Val	Ser	Val	Thr	Tyr	Gly	Ala	50	55	60	
Gly	Gly	Ser	Thr	Arg	Ala	Gly	Thr	Val	Arg	Glu	Thr	Gln	Gln	Ile	Val	65	70	75	80
Ala	Asp	Thr	Thr	Leu	Thr	Pro	Val	Ala	His	Leu	Thr	Ala	Val	Asp	His	85	90	95	
Ser	Val	Ala	Glu	Leu	Arg	Asn	Ile	Ile	Gly	Gln	Tyr	Ala	Asp	Ala	Gly	100	105	110	
Ile	Arg	Asn	Met	Leu	Ala	Val	Arg	Gly	Asp	Pro	Pro	Gly	Asp	Pro	Asn	115	120	125	
Ala	Asp	Trp	Ile	Ala	His	Pro	Glu	Gly	Leu	Thr	Tyr	Ala	Ala	Glu	Leu	130	135	140	
Val	Arg	Leu	Ile	Lys	Glu	Ser	Gly	Asp	Phe	Cys	Val	Gly	Val	Ala	Ala	145	150	155	160
Phe	Pro	Glu	Met	His	Pro	Arg	Ser	Ala	Asp	Trp	Asp	Thr	Asp	Val	Thr	165	170	175	
Asn	Phe	Val	Asp	Lys	Cys	Arg	Ala	Gly	Ala	Asp	Tyr	Ala	Ile	Thr	Gln	180	185	190	
Met	Phe	Phe	Gln	Pro	Asp	Ser	Tyr	Leu	Arg	Leu	Arg	Asp	Arg	Val	Ala	195	200	205	
Ala	Ala	Gly	Cys	Ala	Thr	Pro	Val	Ile	Pro	Glu	Val	Met	Pro	Val	Thr	210	215	220	
Ser	Val	Lys	Met	Leu	Glu	Arg	Leu	Pro	Lys	Leu	Ser	Asn	Ala	Ser	Phe	225	230	235	240
Pro	Ala	Glu	Leu	Lys	Glu	Arg	Ile	Leu	Thr	Ala	Lys	Asp	Asp	Pro	Ala	245	250	255	
Ala	Val	Arg	Ser	Ile	Gly	Ile	Glu	Phe	Ala	Thr	Glu	Phe	Cys	Ala	Arg	260	265	270	

Leu Leu Ala Glu Gly Val Pro Gly Leu His Phe Ile Thr Leu Asn Asn
 275 280 285

Ser Thr Ala Thr Leu Glu Ile Tyr Glu Asn Leu Gly Leu His His Pro
 290 295 300

Pro Arg Ala
 305

<210> 7

<211> 891

<212> DNA

<213> Aquifex aeolicus

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (888)

<223> RAA00346

<400> 7

atg	aaa	ata	gga	gat	ata	ctg	agg	aaa	gga	gtt	ttc	agt	att	tct	ttt	48
Met	Lys	Ile	Gly	Asp	Ile	Leu	Arg	Lys	Gly	Val	Phe	Ser	Ile	Ser	Phe	
1				5					10					15		

gag	ttc	ttt	cca	ccg	aag	act	gaa	gag	gga	gaa	aga	cag	ctc	ttt	gaa	96
Glu	Phe	Phe	Pro	Pro	Lys	Thr	Glu	Glu	Gly	Glu	Arg	Gln	Leu	Phe	Glu	
			20					25					30			

act	ata	agg	aaa	ctt	gag	aaa	tta	aat	cct	act	ttt	gta	tcc	gtt	act	144
Thr	Ile	Arg	Lys	Leu	Glu	Lys	Leu	Asn	Pro	Thr	Phe	Val	Ser	Val	Thr	
		35					40					45				

tac	ggg	gca	ggg	ggg	tcg	act	aga	gat	aga	act	agg	aat	ata	gta	cag	192
Tyr	Gly	Ala	Gly	Gly	Ser	Thr	Arg	Asp	Arg	Thr	Arg	Asn	Ile	Val	Gln	
	50					55					60					

aaa	ata	cac	gag	gaa	act	aac	ctc	acc	gtt	atg	gca	cac	ctc	acc	tgt	240
Lys	Ile	His	Glu	Glu	Thr	Asn	Leu	Thr	Val	Met	Ala	His	Leu	Thr	Cys	
65					70				75						80	

ata	gca	cac	acg	aga	gag	gag	ctt	att	gat	atc	ctt	caa	gat	tac	aaa	288
Ile	Ala	His	Thr	Arg	Glu	Glu	Leu	Ile	Asp	Ile	Leu	Gln	Asp	Tyr	Lys	
			85						90					95		

aac	ata	ggg	ata	gag	aac	att	ctc	gct	ttg	agg	ggg	gac	gtt	ccg	agg	336
Asn	Ile	Gly	Ile	Glu	Asn	Ile	Leu	Ala	Leu	Arg	Gly	Asp	Val	Pro	Arg	
			100					105					110			

gac	aaa	ccg	gac	tgg	aga	ccg	ccg	aag	ggg	gag	tgc	aag	tat	gca	aaa	384
Asp	Lys	Pro	Asp	Trp	Arg	Pro	Pro	Lys	Gly	Ala	Cys	Lys	Tyr	Ala	Lys	
		115					120					125				

gag	ctc	gta	gaa	ctg	atc	agg	aag	gag	ttc	gga	gac	tgg	ttt	tct	atc	432
Glu	Leu	Val	Glu	Leu	Ile	Arg	Lys	Glu	Phe	Gly	Asp	Trp	Phe	Ser	Ile	
	130					135					140					

gga	gtg	gct	tct	tat	cct	gaa	gga	cat	ccg	gaa	tca	ccg	aac	ctc	gag	480
Gly	Val	Ala	Ser	Tyr	Pro	Glu	Gly	His	Pro	Glu	Ser	Pro	Asn	Leu	Glu	
145					150					155					160	

tgg	gaa	gtg	aag	tac	ttt	aag	gaa	aag	gta	gag	gca	ggt	gca	gac	ttc	528
Trp	Glu	Val	Lys	Tyr	Phe	Lys	Glu	Lys	Val	Glu	Ala	Gly	Ala	Asp	Phe	
				165					170					175		

tcg att act cag atg ttt ttc gtg aac gat tac tac tac agg ttt gtg 576
Ser Ile Thr Gln Met Phe Phe Val Asn Asp Tyr Tyr Tyr Arg Phe Val
180 185 190

gaa atg tgc aaa aat gca ggg ata gat ata tct ata att ccg gga att 624
Glu Met Cys Lys Asn Ala Gly Ile Asp Ile Ser Ile Ile Pro Gly Ile
195 200 205

atg	cct	att	act	aac	ttc	aaa	cag	ata	aga	aag	ttt	gct	tct	ctt	tgc	672
Met	Pro	Ile	Thr	Asn	Phe	Lys	Gln	Ile	Arg	Lys	Phe	Ala	Ser	Leu	Cys	
	210					215					220					

gga gcg acg att cca cag agt ctt ata gaa aag ctt gaa aaa gtg gag 720
Gly Ala Thr Ile Pro Gln Ser Leu Ile Glu Lys Leu Glu Lys Val Glu
225 230 235 240

gat aaa ccg gaa gaa gta aaa aag ata ggg att gag ttt gcc ata aat 768
Asp Lys Pro Glu Glu Val Lys Lys Ile Gly Ile Glu Phe Ala Ile Asn
245 250 255

cag tgt ttg gat ctc ata gaa cac gga gtt ccg ggg ctt cac ttc tac 816
Gln Cys Leu Asp Leu Ile Glu His Gly Val Pro Gly Leu His Phe Tyr
260 265 270

act ctg aac aag tcc gac gca act ttg aag ata tac gag gct ata aag 864
Thr Leu Asn Lys Ser Asp Ala Thr Leu Lys Ile Tyr Glu Ala Ile Lys
275 280 285

gat aaa ata ccg gcc cgt tca act taa 891
Asp Lys Ile Pro Ala Arg Ser Thr
290 295

<210> 8

<211> 296

<212> PRT

<213> Aquifex aeolicus

<400> 8

Met Lys Ile Gly Asp Ile Leu Arg Lys Gly Val Phe Ser Ile Ser Phe
1 5 10 15

Glu Phe Phe Pro Pro Lys Thr Glu Glu Gly Glu Arg Gln Leu Phe Glu
20 25 30

Thr Ile Arg Lys Leu Glu Lys Leu Asn Pro Thr Phe Val Ser Val Thr
35 40 45

Tyr Gly Ala Gly Gly Ser Thr Arg Asp Arg Thr Arg Asn Ile Val Gln
50 55 60

Lys Ile His Glu Glu Thr Asn Leu Thr Val Met Ala His Leu Thr Cys
65 70 75 80

Ile Ala His Thr Arg Glu Glu Leu Ile Asp Ile Leu Gln Asp Tyr Lys
85 90 95

Asn Ile Gly Ile Glu Asn Ile Leu Ala Leu Arg Gly Asp Val Pro Arg
 100 105 110
 Asp Lys Pro Asp Trp Arg Pro Pro Lys Gly Ala Cys Lys Tyr Ala Lys
 115 120 125
 Glu Leu Val Glu Leu Ile Arg Lys Glu Phe Gly Asp Trp Phe Ser Ile
 130 135 140
 Gly Val Ala Ser Tyr Pro Glu Gly His Pro Glu Ser Pro Asn Leu Glu
 145 150 155 160
 Trp Glu Val Lys Tyr Phe Lys Glu Lys Val Glu Ala Gly Ala Asp Phe
 165 170 175
 Ser Ile Thr Gln Met Phe Phe Val Asn Asp Tyr Tyr Tyr Arg Phe Val
 180 185 190
 Glu Met Cys Lys Asn Ala Gly Ile Asp Ile Ser Ile Ile Pro Gly Ile
 195 200 205
 Met Pro Ile Thr Asn Phe Lys Gln Ile Arg Lys Phe Ala Ser Leu Cys
 210 215 220
 Gly Ala Thr Ile Pro Gln Ser Leu Ile Glu Lys Leu Glu Lys Val Glu
 225 230 235 240
 Asp Lys Pro Glu Glu Val Lys Lys Ile Gly Ile Glu Phe Ala Ile Asn
 245 250 255
 Gln Cys Leu Asp Leu Ile Glu His Gly Val Pro Gly Leu His Phe Tyr
 260 265 270
 Thr Leu Asn Lys Ser Asp Ala Thr Leu Lys Ile Tyr Glu Ala Ile Lys
 275 280 285
 Asp Lys Ile Pro Ala Arg Ser Thr
 290 295

<210> 9

<211> 831

<212> DNA

<213> Burkholderia cepacia

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(828)

<223> RBU14992

<400> 9

atg aac ccg atc gaa ctt tca ttc gaa ttc ttc ccg ccg aaa acg cag 48

Met Asn Pro Ile Glu Leu Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro Lys Thr Gln
 1 5 10 15

gaa ggc gtg gac aag ctg cgc gcc acg cgc gcc cag ctc gcc acg ctc 96
 Glu Gly Val Asp Lys Leu Arg Ala Thr Arg Ala Gln Leu Ala Thr Leu
 20 25 30

aag ccc aag ttc gtg tcc gtc acg ttc ggc gcc ggc ggc tcg acg caa 144

Lys	Pro	Lys 35	Phe	Val	Ser	Val	Thr 40	Phe	Gly	Ala	Gly	Gly 45	Ser	Thr	Gln	
cag Gln	ggc Gly	acg Thr	ctc Leu	gac Asp	acc Thr	gtc Val	gtc Val	gat Asp	atg Met	gcg Ala	aag Lys	gaa Glu	ggg Gly	ctc Leu	gaa Glu	192
	50					55					60					
gcg Ala	gcg Ala	ccg Pro	cac His	gtg Val	tcg Ser	tgc Cys	atc Ile	ggc Gly	tcg Ser	tcg Ser	aaa Lys	gag Glu	agc Ser	ctg Leu	cgc Arg	240
65					70				75						80	
gcc Ala	att Ile	ctc Leu	aac Asn	gag Glu	tac Tyr	cgc Arg	gca Ala	cat His	ggc Gly	atc Ile	cgc Arg	cat His	atc Ile	gtc Val	gcg Ala	288
			85						90					95		
ctg Leu	cgc Arg	ggc Gly	gat Asp	ctg Leu	ccg Pro	tcc Ser	ggc Gly	atg Met	ggc Gly	gaa Glu	gtc Val	ggc Gly	gag Glu	ctg Leu	cgc Arg	336
			100				105						110			
tat Tyr	gcg Ala	tcg Ser	gaa Glu	ctg Leu	gtg Val	agc Ser	ttt Phe	atc Ile	cgc Arg	gcc Ala	gaa Glu	ttc Phe	ggc Gly	gac Asp	tgg Trp	384
		115					120					125				
ttc Phe	tgc Cys	atc Ile	gag Glu	gtg Val	gcc Ala	ggc Gly	tat Tyr	ccg Pro	gaa Glu	tac Tyr	cac His	ccg Pro	cag Gln	tcg Ser	cgc Arg	432
	130					135					140					
tcg Ser	ccg Pro	cgt Arg	cag Gln	gat Asp	ctg Leu	gaa Glu	aac Asn	ttc Phe	gcc Ala	cgc Arg	aag Lys	gtg Val	aag Lys	gcc Ala	ggc Gly	480
145					150				155						160	
gcc Ala	aat Asn	tcg Ser	gcg Ala	atc Ile	aca Thr	cag Gln	tac Tyr	ttc Phe	ttc Phe	aat Asn	gca Ala	gac Asp	gcg Ala	tat Tyr	ttc Phe	528
				165					170					175		
cgt Arg	ttc Phe	gtc Val	gac Asp	gac Asp	gcg Ala	aga Arg	aag Lys	ctc Leu	ggc Gly	gtg Val	gac Asp	gtg Val	ccg Pro	atc Ile	gtg Val	576
			180					185					190			
ccg Pro	ggc Gly	atc Ile	atg Met	ccg Pro	atc Ile	acg Thr	aac Asn	ttc Phe	tcg Ser	cag Gln	ctg Leu	atg Met	cgt Arg	ttc Phe	tcg Ser	624
		195					200					205				
gag Glu	atg Met	tgc Cys	ggc Gly	gct Ala	gaa Glu	gtg Val	cca Pro	cgc Arg	tgg Trp	atc Ile	gcg Ala	cgc Arg	cgg Arg	ctg Leu	gaa Glu	672
	210					215					220					
agc Ser	ttc Phe	ggc Gly	gac Asp	gat Asp	cgc Arg	gag Glu	tca Ser	att Ile	cgc Arg	gcg Ala	ttc Phe	ggg Gly	ctg Leu	gat Asp	gtg Val	720
225					230				235						240	
gtg Val	acg Thr	gac Asp	ctg Leu	tgc Cys	agg Arg	cgt Arg	ctg Leu	atc Ile	gat Asp	gcg Ala	aag Lys	gtg Val	ccg Pro	ggc Gly	ctg Leu	768
				245					250					255		
cac His	ttc Phe	tac Tyr	acg Thr	cta Leu	aac Asn	ggc Gly	gca Ala	gcg Ala	gcg Ala	acc Thr	aag Lys	gcg Ala	atc Ile	tgc Cys	gaa Glu	816
			260				265						270			
cgg	ttg	aac	gtt	taa												832

Arg Leu Asn Val
275

<210> 10

<211> 276

<212> PRT

<213> Burkholderia cepacia

<400> 10

Met Asn Pro Ile Glu Leu Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro Lys Thr Gln
1 5 10 15

Glu Gly Val Asp Lys Leu Arg Ala Thr Arg Ala Gln Leu Ala Thr Leu
20 25 30

Lys Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Phe Gly Ala Gly Gly Ser Thr Gln
35 40 45

Gln Gly Thr Leu Asp Thr Val Val Asp Met Ala Lys Glu Gly Leu Glu
50 55 60

Ala Ala Pro His Val Ser Cys Ile Gly Ser Ser Lys Glu Ser Leu Arg
65 70 75 80

Ala Ile Leu Asn Glu Tyr Arg Ala His Gly Ile Arg His Ile Val Ala
85 90 95

Leu Arg Gly Asp Leu Pro Ser Gly Met Gly Glu Val Gly Glu Leu Arg
100 105 110

Tyr Ala Ser Glu Leu Val Ser Phe Ile Arg Ala Glu Phe Gly Asp Trp
115 120 125

Phe Cys Ile Glu Val Ala Gly Tyr Pro Glu Tyr His Pro Gln Ser Arg
130 135 140

Ser Pro Arg Gln Asp Leu Glu Asn Phe Ala Arg Lys Val Lys Ala Gly
145 150 155 160

Ala Asn Ser Ala Ile Thr Gln Tyr Phe Phe Asn Ala Asp Ala Tyr Phe
165 170 175

Arg Phe Val Asp Asp Ala Arg Lys Leu Gly Val Asp Val Pro Ile Val
180 185 190

Pro Gly Ile Met Pro Ile Thr Asn Phe Ser Gln Leu Met Arg Phe Ser
195 200 205

Glu Met Cys Gly Ala Glu Val Pro Arg Trp Ile Ala Arg Arg Leu Glu
210 215 220

Ser Phe Gly Asp Asp Arg Glu Ser Ile Arg Ala Phe Gly Leu Asp Val
225 230 235 240

Val Thr Asp Leu Cys Arg Arg Leu Ile Asp Ala Lys Val Pro Gly Leu
245 250 255

His Phe Tyr Thr Leu Asn Gly Ala Ala Ala Thr Lys Ala Ile Cys Glu
260 265 270

Arg Leu Asn Val
275

<210> 11
<211> 846
<212> DNA
<213> Nitrosomonas europaea

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(843)
<223> RNE02657

<400> 11

atg	caa	tcc	cag	aaa	aaa	ttt	acc	ccc	aca	ttc	agt	ttt	gaa	ttt	ttc	48
Met	Gln	Ser	Gln	Lys	Lys	Phe	Thr	Pro	Thr	Phe	Ser	Phe	Glu	Phe	Phe	
1				5					10				15			
ccg	ccg	cag	aca	ccg	gaa	ggc	atg	gaa	aag	ctg	cgg	gca	acg	cgc	ata	96
Pro	Pro	Gln	Thr	Pro	Glu	Gly	Met	Glu	Lys	Leu	Arg	Ala	Thr	Arg	Ile	
			20					25					30			
cag	ctt	gct	cag	ttc	aat	ccg	aag	ttt	ttt	tgc	gtg	acg	ttt	ggc	gcc	144
Gln	Leu	Ala	Gln	Phe	Asn	Pro	Lys	Phe	Phe	Ser	Val	Thr	Phe	Gly	Ala	
		35					40					45				
ggc	gga	tcc	act	cgt	gaa	cgc	acg	ctc	gaa	acc	gtg	ctg	gaa	att	cag	192
Gly	Gly	Ser	Thr	Arg	Glu	Arg	Thr	Leu	Glu	Thr	Val	Leu	Glu	Ile	Gln	
	50					55					60					
gca	gaa	ggc	tat	ccg	gta	gcg	ccc	cat	ctt	tcc	tgt	atc	ggc	tcc	acg	240
Ala	Glu	Gly	Tyr	Pro	Val	Ala	Pro	His	Leu	Ser	Cys	Ile	Gly	Ser	Thr	
	65				70				75						80	
cgt	gac	aat	atc	cgt	tgc	atc	ctt	gag	aaa	tat	cac	agt	cac	ggc	atc	288
Arg	Asp	Asn	Ile	Arg	Ser	Ile	Leu	Glu	Lys	Tyr	His	Ser	His	Gly	Ile	
				85					90					95		
agc	cgc	att	gtg	gcg	cta	cgt	ggc	gat	tta	ccc	tcc	ggc	atg	gcg	cag	336
Ser	Arg	Ile	Val	Ala	Leu	Arg	Gly	Asp	Leu	Pro	Ser	Gly	Met	Ala	Gln	
			100					105					110			
gcg	gga	gaa	ttc	cgc	tac	gcc	aac	gag	ctg	gta	gca	ttt	atc	cgc	aag	384
Ala	Gly	Glu	Phe	Arg	Tyr	Ala	Asn	Glu	Leu	Val	Ala	Phe	Ile	Arg	Lys	
		115					120					125				
gag	ttc	ggc	gat	acc	ttc	tgg	atc	gaa	gtg	gcg	gct	tat	ccg	gaa	tat	432
Glu	Phe	Gly	Asp	Thr	Phe	Trp	Ile	Glu	Val	Ala	Ala	Tyr	Pro	Glu	Tyr	
	130					135					140					
cat	cca	caa	gcc	cgc	tcc	gct	ctg	gag	gat	ttc	acc	aat	ttc	aga	cga	480
His	Pro	Gln	Ala	Arg	Ser	Ala	Leu	Glu	Asp	Phe	Thr	Asn	Phe	Arg	Arg	
	145				150				155						160	
aaa	gtc	gaa	gca	ggc	tcc	aat	gca	gcg	att	acc	cag	ttt	ttc	tat	aac	528
Lys	Val	Glu	Ala	Gly	Ser	Asn	Ala	Ala	Ile	Thr	Gln	Phe	Phe	Tyr	Asn	
				165					170					175		

```

gtg gat gcc tat ctg cat ttc gta gag atg tgt gaa gct gcg gat ctg 576
Val Asp Ala Tyr Leu His Phe Val Glu Met Cys Glu Ala Ala Asp Leu
      180                      185                      190

aat atc ccg atc gtt ccc ggc atc atg ccg atc agc aaa ttt tct caa 624
Asn Ile Pro Ile Val Pro Gly Ile Met Pro Ile Ser Lys Phe Ser Gln
      195                      200                      205

ctg gca aga ttt tcg gat ggc tgt gga gca gaa att cca cgc tgg att 672
Leu Ala Arg Phe Ser Asp Gly Cys Gly Ala Glu Ile Pro Arg Trp Ile
      210                      215                      220

cgc aga aaa ctg gaa agc ttc ggt gat gat att ccg tct atc cag gca 720
Arg Arg Lys Leu Glu Ser Phe Gly Asp Asp Ile Pro Ser Ile Gln Ala
      225                      230                      235                      240

ttc ggg ctg gat gtc gtc aca gcg tta tgt gct cgt ctg ctg gaa gcc 768
Phe Gly Leu Asp Val Val Thr Ala Leu Cys Ala Arg Leu Leu Glu Ala
      245                      250                      255

ggc gca ccc ggc ctg cat ttc tac aca ctc aac tcc gcc gta cta ccc 816
Gly Ala Pro Gly Leu His Phe Tyr Thr Leu Asn Ser Ala Val Leu Pro
      260                      265                      270

aca aaa atc tgg caa cgc ctg ggg tta tag 846
Thr Lys Ile Trp Gln Arg Leu Gly Leu
      275                      280

```

<210> 12

<211> 281

<212> PRT

<213> Nitrosomonas europaea

<400> 12

```

Met Gln Ser Gln Lys Lys Phe Thr Pro Thr Phe Ser Phe Glu Phe Phe
  1                      5                      10                      15

Pro Pro Gln Thr Pro Glu Gly Met Glu Lys Leu Arg Ala Thr Arg Ile
      20                      25                      30

Gln Leu Ala Gln Phe Asn Pro Lys Phe Phe Ser Val Thr Phe Gly Ala
      35                      40                      45

Gly Gly Ser Thr Arg Glu Arg Thr Leu Glu Thr Val Leu Glu Ile Gln
      50                      55                      60

Ala Glu Gly Tyr Pro Val Ala Pro His Leu Ser Cys Ile Gly Ser Thr
      65                      70                      75                      80

Arg Asp Asn Ile Arg Ser Ile Leu Glu Lys Tyr His Ser His Gly Ile
      85                      90                      95

Ser Arg Ile Val Ala Leu Arg Gly Asp Leu Pro Ser Gly Met Ala Gln
      100                      105                      110

Ala Gly Glu Phe Arg Tyr Ala Asn Glu Leu Val Ala Phe Ile Arg Lys
      115                      120                      125

Glu Phe Gly Asp Thr Phe Trp Ile Glu Val Ala Ala Tyr Pro Glu Tyr

```

130	135	140
His Pro Gln Ala Arg Ser Ala Leu Glu Asp Phe Thr Asn Phe Arg Arg 145 150 155 160		
Lys Val Glu Ala Gly Ser Asn Ala Ala Ile Thr Gln Phe Phe Tyr Asn 165 170 175		
Val Asp Ala Tyr Leu His Phe Val Glu Met Cys Glu Ala Ala Asp Leu 180 185 190		
Asn Ile Pro Ile Val Pro Gly Ile Met Pro Ile Ser Lys Phe Ser Gln 195 200 205		
Leu Ala Arg Phe Ser Asp Gly Cys Gly Ala Glu Ile Pro Arg Trp Ile 210 215 220		
Arg Arg Lys Leu Glu Ser Phe Gly Asp Asp Ile Pro Ser Ile Gln Ala 225 230 235 240		
Phe Gly Leu Asp Val Val Thr Ala Leu Cys Ala Arg Leu Leu Glu Ala 245 250 255		
Gly Ala Pro Gly Leu His Phe Tyr Thr Leu Asn Ser Ala Val Leu Pro 260 265 270		
Thr Lys Ile Trp Gln Arg Leu Gly Leu 275 280		

<210> 13

<211> 873

<212> DNA

<213> Pseudomonas aeruginosa

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(870)

<223> RPA03308

<400> 13

gtg gtc gcg tcc aag gaa ccg atc atg agt cag agc gaa cgc cgt ttc Val Val Ala Ser Lys Glu Pro Ile Met Ser Gln Ser Glu Arg Arg Phe 1 5 10 15 48	
agc ttc gag ttc ttc ccg gcg aag acc gag gcc ggc cat gaa aag ctg Ser Phe Glu Phe Phe Pro Ala Lys Thr Glu Ala Gly His Glu Lys Leu 20 25 30 96	
ttg gcc acc gcc cgc aac ctg gcg ggc tac aag ccc gac ttc ttc tcc Leu Ala Thr Ala Arg Asn Leu Ala Gly Tyr Lys Pro Asp Phe Phe Ser 35 40 45 144	
tgc acc tac ggc gcc ggc gga tcc acc cgc gac cgc acg ttg agt acc Cys Thr Tyr Gly Ala Gly Gly Ser Thr Arg Asp Arg Thr Leu Ser Thr 50 55 60 192	
gtg ctg caa ctg gac ggc gag gtg aag gtg ccg acc gcg ccg cac ctg Val Leu Gln Leu Asp Gly Glu Val Lys Val Pro Thr Ala Pro His Leu 65 70 75 80 240	

tcc tgt gtc ggc gac tcg aaa gcc gag ttg cgc gaa ctg ctc ggc cgc	288
Ser Cys Val Gly Asp Ser Lys Ala Glu Leu Arg Glu Leu Leu Gly Arg	
85 90 95	
tac cgc gag gcc ggc atc cgc cgc atc gtc gcc ctg cgc ggc gac ctg	336
Tyr Arg Glu Ala Gly Ile Arg Arg Ile Val Ala Leu Arg Gly Asp Leu	
100 105 110	
ccg tcg ggc atg ggc atg gcc agc ggc gaa ctg cgc tac gcc aac gaa	384
Pro Ser Gly Met Gly Met Ala Ser Gly Glu Leu Arg Tyr Ala Asn Glu	
115 120 125	
ctg gtg gac ttc atc cgc acc gag acc ggc gac cac ttc cac atc gag	432
Leu Val Asp Phe Ile Arg Thr Glu Thr Gly Asp His Phe His Ile Glu	
130 135 140	
gtc gcc gcc tat ccg gag gtc cac ccc cag gcg cgc agc ttc gag gat	480
Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Gln Ala Arg Ser Phe Glu Asp	
145 150 155 160	
gac ctg gcg aac ttc gtg cgc aag gtg aag gcc ggc gcc agc agc gcc	528
Asp Leu Ala Asn Phe Val Arg Lys Val Lys Ala Gly Ala Ser Ser Ala	
165 170 175	
atc acc cag tac ttc ttc aac gcc gat gcc tat ttc tac ttc gtc gag	576
Ile Thr Gln Tyr Phe Phe Asn Ala Asp Ala Tyr Phe Tyr Phe Val Glu	
180 185 190	
cgg gtc gcc aag ctc ggc gtg gac atc ccg gtg gtc ccc ggc atc atg	624
Arg Val Ala Lys Leu Gly Val Asp Ile Pro Val Val Pro Gly Ile Met	
195 200 205	
ccg atc acc aac tac tcc aag ctg gcg cgc ttc tcc gac gcc tgc ggc	672
Pro Ile Thr Asn Tyr Ser Lys Leu Ala Arg Phe Ser Asp Ala Cys Gly	
210 215 220	
gcc gaa ctg ccg cgc tgg atc cgc aag caa ctg gaa gcc tac ggc gac	720
Ala Glu Leu Pro Arg Trp Ile Arg Lys Gln Leu Glu Ala Tyr Gly Asp	
225 230 235 240	
gac agc cgc agc atc cag gcc ttc ggc gag cag gtc atc agc gag atg	768
Asp Ser Arg Ser Ile Gln Ala Phe Gly Glu Gln Val Ile Ser Glu Met	
245 250 255	
tgc gaa cgc ctg ctg gag ggc ggc gca ccg gga ctg cat ttc tat act	816
Cys Glu Arg Leu Leu Glu Gly Gly Ala Pro Gly Leu His Phe Tyr Thr	
260 265 270	
ttg aac cag gcc gat ccg agc ctg gcg atc tgg aag aat ctc cag ctg	864
Leu Asn Gln Ala Asp Pro Ser Leu Ala Ile Trp Lys Asn Leu Gln Leu	
275 280 285	
cca cgc tga	873
Pro Arg	
290	

<210> 14
 <211> 290
 <212> PRT

<213> *Pseudomonas aeruginosa*

<400> 14

Val Val Ala Ser Lys Glu Pro Ile Met Ser Gln Ser Glu Arg Arg Phe
 1 5 10 15
 Ser Phe Glu Phe Phe Pro Ala Lys Thr Glu Ala Gly His Glu Lys Leu
 20 25 30
 Leu Ala Thr Ala Arg Asn Leu Ala Gly Tyr Lys Pro Asp Phe Phe Ser
 35 40 45
 Cys Thr Tyr Gly Ala Gly Gly Ser Thr Arg Asp Arg Thr Leu Ser Thr
 50 55 60
 Val Leu Gln Leu Asp Gly Glu Val Lys Val Pro Thr Ala Pro His Leu
 65 70 75 80
 Ser Cys Val Gly Asp Ser Lys Ala Glu Leu Arg Glu Leu Leu Gly Arg
 85 90 95
 Tyr Arg Glu Ala Gly Ile Arg Arg Ile Val Ala Leu Arg Gly Asp Leu
 100 105 110
 Pro Ser Gly Met Gly Met Ala Ser Gly Glu Leu Arg Tyr Ala Asn Glu
 115 120 125
 Leu Val Asp Phe Ile Arg Thr Glu Thr Gly Asp His Phe His Ile Glu
 130 135 140
 Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Gln Ala Arg Ser Phe Glu Asp
 145 150 155 160
 Asp Leu Ala Asn Phe Val Arg Lys Val Lys Ala Gly Ala Ser Ser Ala
 165 170 175
 Ile Thr Gln Tyr Phe Phe Asn Ala Asp Ala Tyr Phe Tyr Phe Val Glu
 180 185 190
 Arg Val Ala Lys Leu Gly Val Asp Ile Pro Val Val Pro Gly Ile Met
 195 200 205
 Pro Ile Thr Asn Tyr Ser Lys Leu Ala Arg Phe Ser Asp Ala Cys Gly
 210 215 220
 Ala Glu Leu Pro Arg Trp Ile Arg Lys Gln Leu Glu Ala Tyr Gly Asp
 225 230 235 240
 Asp Ser Arg Ser Ile Gln Ala Phe Gly Glu Gln Val Ile Ser Glu Met
 245 250 255
 Cys Glu Arg Leu Leu Glu Gly Gly Ala Pro Gly Leu His Phe Tyr Thr
 260 265 270
 Leu Asn Gln Ala Asp Pro Ser Leu Ala Ile Trp Lys Asn Leu Gln Leu
 275 280 285
 Pro Arg
 290

<210> 15
 <211> 828
 <212> DNA
 <213> Xylella almond

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(825)
 <223> RXFX00359

<400> 15
 atg att cca atc agc ttc gag ttt tat cca ccc aaa aac gac gat caa 48
 Met Ile Pro Ile Ser Phe Glu Phe Tyr Pro Pro Lys Asn Asp Asp Gln
 1 5 10 15

cgc gca cag ttg gac agg aca gca aac cgg cta cgc gca ttc gca cca 96
 Arg Ala Gln Leu Asp Arg Thr Ala Asn Arg Leu Arg Ala Phe Ala Pro
 20 25 30

gaa tac gtc tcc tgc acc ttc ggc gcc ggt ggc tcc aca ctc agt tac 144
 Glu Tyr Val Ser Cys Thr Phe Gly Ala Gly Gly Ser Thr Leu Ser Tyr
 35 40 45

acc tca gaa aca gtg cgc cat ctc agc caa cac cac ggc ttt gac gcc 192
 Thr Ser Glu Thr Val Arg His Leu Ser Gln His His Gly Phe Asp Ala
 50 55 60

gca ccg cat ctg tcc tgt gtg ggc gcc agt cgc caa gaa atc cgc gaa 240
 Ala Pro His Leu Ser Cys Val Gly Gly Ser Arg Gln Glu Ile Arg Glu
 65 70 75 80

ctt ctc aaa ctg tac cgc gcg att ggc tgc caa cgc atc gtg gcg cta 288
 Leu Leu Lys Leu Tyr Arg Ala Ile Gly Cys Gln Arg Ile Val Ala Leu
 85 90 95

cgc ggc gat ctc ccc tcg ggc atg ggc cac ccc ggc gac ctc cgc tac 336
 Arg Gly Asp Leu Pro Ser Gly Met Gly His Pro Gly Asp Leu Arg Tyr
 100 105 110

gca gct gac ctg att acc ttc atc cgt acc gag cat ggc gat cac ttc 384
 Ala Ala Asp Leu Ile Thr Phe Ile Arg Thr Glu His Gly Asp His Phe
 115 120 125

cac cta gag atc ggc gca tac ccg gaa acc cac cca caa gcc agc aac 432
 His Leu Glu Ile Gly Ala Tyr Pro Glu Thr His Pro Gln Ala Ser Asn
 130 135 140

aca ctg aac gac ctt cac tat ttc aaa gcc aaa gcc gat gca ggc gcc 480
 Thr Leu Asn Asp Leu His Tyr Phe Lys Ala Lys Ala Asp Ala Gly Ala
 145 150 155 160

gat gcg gca atc act caa tac ttt tat aac cca gac gcc tat ttc cac 528
 Asp Ala Ala Ile Thr Gln Tyr Phe Tyr Asn Pro Asp Ala Tyr Phe His
 165 170 175

ttc gtc gac gca gtg cag cgc ctg ggc gtc acc atc ccc att gtt gcc 576
 Phe Val Asp Ala Val Gln Arg Leu Gly Val Thr Ile Pro Ile Val Ala
 180 185 190

gga gtc atg ccc atc tcc aac ttt gac cag ttg cgc cat ttc tcc gaa 624

Gly Val Met Pro Ile Ser Asn Phe Asp Gln Leu Arg His Phe Ser Glu
 195 200 205
 caa tgc ggc gcc gaa ata ccc cgc tgg att aca aaa aaa atg cag gct 672
 Gln Cys Gly Ala Glu Ile Pro Arg Trp Ile Thr Lys Lys Met Gln Ala
 210 215 220
 tac ggc gac gac acc aaa tcg ata cgc gcg ttc ggt gcc gac gtc gtg 720
 Tyr Gly Asp Asp Thr Lys Ser Ile Arg Ala Phe Gly Ala Asp Val Val
 225 230 235 240
 acc gca tta tgt gag cgg cta atc gct ggc ggc gca ccg ggg ctg cac 768
 Thr Ala Leu Cys Glu Arg Leu Ile Ala Gly Gly Ala Pro Gly Leu His
 245 250 255
 ttc tac acg ctc aac cta gcc aaa cca agc acc caa gtg ctg caa cgc 816
 Phe Tyr Thr Leu Asn Leu Ala Lys Pro Ser Thr Gln Val Leu Gln Arg
 260 265 270
 tta ggc tat tga 828
 Leu Gly Tyr
 275
 <210> 16
 <211> 275
 <212> PRT
 <213> Xylella almond
 <400> 16
 Met Ile Pro Ile Ser Phe Glu Phe Tyr Pro Pro Lys Asn Asp Asp Gln
 1 5 10 15
 Arg Ala Gln Leu Asp Arg Thr Ala Asn Arg Leu Arg Ala Phe Ala Pro
 20 25 30
 Glu Tyr Val Ser Cys Thr Phe Gly Ala Gly Gly Ser Thr Leu Ser Tyr
 35 40 45
 Thr Ser Glu Thr Val Arg His Leu Ser Gln His His Gly Phe Asp Ala
 50 55 60
 Ala Pro His Leu Ser Cys Val Gly Gly Ser Arg Gln Glu Ile Arg Glu
 65 70 75 80
 Leu Leu Lys Leu Tyr Arg Ala Ile Gly Cys Gln Arg Ile Val Ala Leu
 85 90 95
 Arg Gly Asp Leu Pro Ser Gly Met Gly His Pro Gly Asp Leu Arg Tyr
 100 105 110
 Ala Ala Asp Leu Ile Thr Phe Ile Arg Thr Glu His Gly Asp His Phe
 115 120 125
 His Leu Glu Ile Gly Ala Tyr Pro Glu Thr His Pro Gln Ala Ser Asn
 130 135 140
 Thr Leu Asn Asp Leu His Tyr Phe Lys Ala Lys Ala Asp Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Asp Ala Ala Ile Thr Gln Tyr Phe Tyr Asn Pro Asp Ala Tyr Phe His
165 170 175

Phe Val Asp Ala Val Gln Arg Leu Gly Val Thr Ile Pro Ile Val Ala
180 185 190

Gly Val Met Pro Ile Ser Asn Phe Asp Gln Leu Arg His Phe Ser Glu
195 200 205

Gln Cys Gly Ala Glu Ile Pro Arg Trp Ile Thr Lys Lys Met Gln Ala
210 215 220

Tyr	Gly	Asp	Asp	Thr	Lys	Ser	Ile	Arg	Ala	Phe	Gly	Ala	Asp	Val	Val
225					230					235					240

Thr Ala Leu Cys Glu Arg Leu Ile Ala Gly Gly Ala Pro Gly Leu His
245 250 255

Phe Tyr Thr Leu Asn Leu Ala Lys Pro Ser Thr Gln Val Leu Gln Arg
260 265 270

Leu Gly Tyr
275

```
<210> 17
<211> 828
<212> DNA
<213> Xylella oleander
```

```
<220>
<221> CDS
<222> (1) .. (825)
<223> RXFY01676
```

<400> 17
atg att cca atc agc ttc gag ttt tat cca ccc aaa aac gac gat caa 48
Met Ile Pro Ile Ser Phe Glu Phe Tyr Pro Pro Lys Asn Asp Asp Gln
1 5 10 15

cgc gca cag ttg gac agg aca gca aac cgg cta cgc gca ttc gca cca 96
 Arg Ala Gln Leu Asp Arg Thr Ala Asn Arg Leu Arg Ala Phe Ala Pro
 20 25 30

gaa tac gtc tcc tgc acc ttc ggc gcc ggc ggc tcc aca ctc agt tac 144
Glu Tyr Val Ser Cys Thr Phe Gly Ala Gly Gly Ser Thr Leu Ser Tyr
35 40 45

acc tca gaa aca gtg cgc cat ctc agt caa cac cac ggc ttt gac acc 192
Thr Ser Glu Thr Val Arg His Leu Ser Gln His His Gly Phe Asp Thr
50 55 60

gca ccg cat ctg tcc tgt gtg ggc ggc agt cgc caa gaa atc cgc gaa 240
Ala Pro His Leu Ser Cys Val Gly Gly Ser Arg Gln Glu Ile Arg Glu
65 70 75 80

ctt ctc aaa ctg tac cgc gcg att ggc tgc caa cgc atc gtg gcg cta 288
 Leu Leu Lys Leu Tyr Arg Ala Ile Gly Cys Gln Arg Ile Val Ala Leu
 85 90 95

cgc ggc gat ctc ccc tcg ggc atg ggc cac ccc ggc gac ctc cgc tac 336
 Arg Gly Asp Leu Pro Ser Gly Met Gly His Pro Gly Asp Leu Arg Tyr
 100 105 110

gca gct gac ctg att acc ttc atc cgt gcc gag cat ggc gat cac ttc 384
 Ala Ala Asp Leu Ile Thr Phe Ile Arg Ala Glu His Gly Asp His Phe
 115 120 125

cac cta gag atc ggc gca tac ccg gaa acc cac cca caa gcc agc aac 432
 His Leu Glu Ile Gly Ala Tyr Pro Glu Thr His Pro Gln Ala Ser Asn
 130 135 140

aca ctg aac gac ctt cac tat ttc aaa gcc aaa gcc gat gca ggc gcc 480
 Thr Leu Asn Asp Leu His Tyr Phe Lys Ala Lys Ala Asp Ala Gly Ala
 145 150 155 160

gat gcg gca atc act caa tac ttt tac aac cca gac gcc tat ttc cac 528
 Asp Ala Ala Ile Thr Gln Tyr Phe Tyr Asn Pro Asp Ala Tyr Phe His
 165 170 175

ttc gtc gac gca gtg cag cgc ctg ggc gtc acc atc ccc att gtt gcc 576
 Phe Val Asp Ala Val Gln Arg Leu Gly Val Thr Ile Pro Ile Val Ala
 180 185 190

gga gtc atg ccc atc tcc aac ttt gac cag ttg cgc cat ttc tcc gaa 624
 Gly Val Met Pro Ile Ser Asn Phe Asp Gln Leu Arg His Phe Ser Glu
 195 200 205

caa tgc ggc gcc gaa ata ccc cgc tgg att aca aaa aaa atg cag gct 672
 Gln Cys Gly Ala Glu Ile Pro Arg Trp Ile Thr Lys Lys Met Gln Ala
 210 215 220

tac ggc gat gac acc aaa tcg ata cgc gcg ttc ggt gcc gac gtc gtg 720
 Tyr Gly Asp Asp Thr Lys Ser Ile Arg Ala Phe Gly Ala Asp Val Val
 225 230 235 240

acc gca cta tgt gag cgg cta atc gct ggc ggc gca ccg ggg ctg cac 768
 Thr Ala Leu Cys Glu Arg Leu Ile Ala Gly Gly Ala Pro Gly Leu His
 245 250 255

ttc tac acg ctc aac cta gcc aaa cca agc acc caa gtg ctg caa cgc 816
 Phe Tyr Thr Leu Asn Leu Ala Lys Pro Ser Thr Gln Val Leu Gln Arg
 260 265 270

tta ggc tat tga 828
 Leu Gly Tyr
 275

<210> 18

<211> 275

<212> PRT

<213> Xylella oleander

<400> 18

Met Ile Pro Ile Ser Phe Glu Phe Tyr Pro Pro Lys Asn Asp Asp Gln
 1 5 10 15

Arg Ala Gln Leu Asp Arg Thr Ala Asn Arg Leu Arg Ala Phe Ala Pro
 20 25 30
 Glu Tyr Val Ser Cys Thr Phe Gly Ala Gly Gly Ser Thr Leu Ser Tyr
 35 40 45
 Thr Ser Glu Thr Val Arg His Leu Ser Gln His His Gly Phe Asp Thr
 50 55 60
 Ala Pro His Leu Ser Cys Val Gly Gly Ser Arg Gln Glu Ile Arg Glu
 65 70 75 80
 Leu Leu Lys Leu Tyr Arg Ala Ile Gly Cys Gln Arg Ile Val Ala Leu
 85 90 95
 Arg Gly Asp Leu Pro Ser Gly Met Gly His Pro Gly Asp Leu Arg Tyr
 100 105 110
 Ala Ala Asp Leu Ile Thr Phe Ile Arg Ala Glu His Gly Asp His Phe
 115 120 125
 His Leu Glu Ile Gly Ala Tyr Pro Glu Thr His Pro Gln Ala Ser Asn
 130 135 140
 Thr Leu Asn Asp Leu His Tyr Phe Lys Ala Lys Ala Asp Ala Gly Ala
 145 150 155 160
 Asp Ala Ala Ile Thr Gln Tyr Phe Tyr Asn Pro Asp Ala Tyr Phe His
 165 170 175
 Phe Val Asp Ala Val Gln Arg Leu Gly Val Thr Ile Pro Ile Val Ala
 180 185 190
 Gly Val Met Pro Ile Ser Asn Phe Asp Gln Leu Arg His Phe Ser Glu
 195 200 205
 Gln Cys Gly Ala Glu Ile Pro Arg Trp Ile Thr Lys Lys Met Gln Ala
 210 215 220
 Tyr Gly Asp Asp Thr Lys Ser Ile Arg Ala Phe Gly Ala Asp Val Val
 225 230 235 240
 Thr Ala Leu Cys Glu Arg Leu Ile Ala Gly Gly Ala Pro Gly Leu His
 245 250 255
 Phe Tyr Thr Leu Asn Leu Ala Lys Pro Ser Thr Gln Val Leu Gln Arg
 260 265 270
 Leu Gly Tyr
 275

<210> 19

<211> 846

<212> DNA

<213> *Pseudomonas fluorescens*

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (843)

<223> RPU04845

<400> 19

atg tcc caa gac cgt cgc tac agc ttc gag ttc ttc ccg acc aag acc	48
Met Ser Gln Asp Arg Arg Tyr Ser Phe Glu Phe Phe Pro Thr Lys Thr	
1 5 10 15	
gat gct ggg cat gaa aaa ctg ctc gcc act gcc cgt cag ctg gcc acc	96
Asp Ala Gly His Glu Lys Leu Leu Ala Thr Ala Arg Gln Leu Ala Thr	
20 25 30	
tat aag cct gac ttc ttt tcc tgc acc tac ggc gct ggc ggt tcg acc	144
Tyr Lys Pro Asp Phe Phe Ser Cys Thr Tyr Gly Ala Gly Gly Ser Thr	
35 40 45	
cgt gac cgc acg ctg aac acc gtt ctg cag ctg gaa agc gaa gtc aaa	192
Arg Asp Arg Thr Leu Asn Thr Val Leu Gln Leu Glu Ser Glu Val Lys	
50 55 60	
atc ccc gcc gca ccg cac ctg tcg tgc gtc ggc gac agc aag gac gac	240
Ile Pro Ala Ala Pro His Leu Ser Cys Val Gly Asp Ser Lys Asp Asp	
65 70 75 80	
ctg cgc ggc ctg ctg aac gag tac aag gcc gcc ggc atc aag cgc atc	288
Leu Arg Gly Leu Leu Asn Glu Tyr Lys Ala Ala Gly Ile Lys Arg Ile	
85 90 95	
gtc gcc ctg cgc ggt gac ctg ccg tcc ggc atg ggc atg acc agc ggc	336
Val Ala Leu Arg Gly Asp Leu Pro Ser Gly Met Gly Met Thr Ser Gly	
100 105 110	
gag ctg cgt cac gcc aat gaa ctg gtt gaa ttc att cgt gaa gaa acc	384
Glu Leu Arg His Ala Asn Glu Leu Val Glu Phe Ile Arg Glu Glu Thr	
115 120 125	
ggc aat cat ttc cac atc gaa gtc gcc gcc tac ccg gag atg cat ccg	432
Gly Asn His Phe His Ile Glu Val Ala Ala Tyr Pro Glu Met His Pro	
130 135 140	
caa gcg cgc aac tac gaa gac gat ctc gcc aac ttc gtg cgc aag gcc	480
Gln Ala Arg Asn Tyr Glu Asp Asp Leu Ala Asn Phe Val Arg Lys Ala	
145 150 155 160	
cgt gcc ggc gcc gac agc gcg atc acc cag tac ttc ttc aac gcc gac	528
Arg Ala Gly Ala Asp Ser Ala Ile Thr Gln Tyr Phe Phe Asn Ala Asp	
165 170 175	
agc tac ttc tac ttc gtc gac cgt ttg cag gcg ctg ggc gtg gac att	576
Ser Tyr Phe Tyr Phe Val Asp Arg Leu Gln Ala Leu Gly Val Asp Ile	
180 185 190	
ccg gtg gta ccg ggg atc atg ccg atc acc aac tac agc aaa ctc gcg	624
Pro Val Val Pro Gly Ile Met Pro Ile Thr Asn Tyr Ser Lys Leu Ala	
195 200 205	
cgc ttc tcc gat gcc tgc ggt gcg gaa atc ccg cgc tgg atc cgc aag	672
Arg Phe Ser Asp Ala Cys Gly Ala Glu Ile Pro Arg Trp Ile Arg Lys	
210 215 220	
cag ctg gaa gcc tac ggc gat gac agc caa agc att cag cgc ttt ggc	720
Gln Leu Glu Ala Tyr Gly Asp Asp Ser Gln Ser Ile Gln Arg Phe Gly	

25

225	230	235	240	
gaa caa gtc gtc acg gaa atg tgc gaa cgc ctg ctg caa ggc ggc gcg				768
Glu Gln Val Val Thr Glu Met Cys Glu Arg Leu Leu Gln Gly Gly Ala				
245		250	255	
ccc ggc ctg cac ttc tat tcc atg aac cag gcc gaa cca agc ctg gcg				816
Pro Gly Leu His Phe Tyr Ser Met Asn Gln Ala Glu Pro Ser Leu Ala				
260	265	270		
atc tgg aac aac ctg aag ctg ccg cgc taa				846
Ile Trp Asn Asn Leu Lys Leu Pro Arg				
275	280			
<210> 20				
<211> 281				
<212> PRT				
<213> Pseudomonas fluorescens				
<400> 20				
Met Ser Gln Asp Arg Arg Tyr Ser Phe Glu Phe Phe Pro Thr Lys Thr				
1	5	10	15	
Asp Ala Gly His Glu Lys Leu Leu Ala Thr Ala Arg Gln Leu Ala Thr				
20	25	30		
Tyr Lys Pro Asp Phe Phe Ser Cys Thr Tyr Gly Ala Gly Gly Ser Thr				
35	40	45		
Arg Asp Arg Thr Leu Asn Thr Val Leu Gln Leu Glu Ser Glu Val Lys				
50	55	60		
Ile Pro Ala Ala Pro His Leu Ser Cys Val Gly Asp Ser Lys Asp Asp				
65	70	75	80	
Leu Arg Gly Leu Leu Asn Glu Tyr Lys Ala Ala Gly Ile Lys Arg Ile				
85	90	95		
Val Ala Leu Arg Gly Asp Leu Pro Ser Gly Met Gly Met Thr Ser Gly				
100	105	110		
Glu Leu Arg His Ala Asn Glu Leu Val Glu Phe Ile Arg Glu Glu Thr				
115	120	125		
Gly Asn His Phe His Ile Glu Val Ala Ala Tyr Pro Glu Met His Pro				
130	135	140		
Gln Ala Arg Asn Tyr Glu Asp Asp Leu Ala Asn Phe Val Arg Lys Ala				
145	150	155	160	
Arg Ala Gly Ala Asp Ser Ala Ile Thr Gln Tyr Phe Phe Asn Ala Asp				
165	170	175		
Ser Tyr Phe Tyr Phe Val Asp Arg Leu Gln Ala Leu Gly Val Asp Ile				
180	185	190		
Pro Val Val Pro Gly Ile Met Pro Ile Thr Asn Tyr Ser Lys Leu Ala				
195	200	205		
Arg Phe Ser Asp Ala Cys Gly Ala Glu Ile Pro Arg Trp Ile Arg Lys				

210	215	220
Gln Leu Glu Ala Tyr Gly Asp Asp Ser Gln Ser Ile Gln Arg Phe Gly		
225	230	235 240
Glu Gln Val Val Thr Glu Met Cys Glu Arg Leu Leu Gln Gly Gly Ala		
	245	250 255
Pro Gly Leu His Phe Tyr Ser Met Asn Gln Ala Glu Pro Ser Leu Ala		
	260	265 270
Ile Trp Asn Asn Leu Lys Leu Pro Arg		
	275	280

<210> 21

<211> 1812

<212> DNA

<213> Schizosaccharomyces pombe

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1809)

<223> RSO01645

<400> 21

atg aaa ata agt gac aaa tta ctt cac ccg gat tgg aag gaa aaa gtt	48
Met Lys Ile Ser Asp Lys Leu Leu His Pro Asp Trp Lys Glu Lys Val	
1 5 10 15	

act tac agt tat gaa ttt ttt cct cca aaa acg agc act ggt gtc caa	96
Thr Tyr Ser Tyr Glu Phe Phe Pro Lys Thr Ser Thr Gly Val Gln	
20 25 30	

aat ctt tac aat cgt ata gat cgc atg aag act tgg ggt cgt ccc atg	144
Asn Leu Tyr Asn Arg Ile Asp Arg Met Lys Thr Trp Gly Arg Pro Met	
35 40 45	

ttt gtc gat gtg act tgg ggt gct ggt ggt act tct tca gaa ctg act	192
Phe Val Asp Val Thr Trp Gly Ala Gly Gly Thr Ser Ser Glu Leu Thr	
50 55 60	

cct gga atc gtt aat gta att caa aca gat ttt gaa gtg gat act tgc	240
Pro Gly Ile Val Asn Val Ile Gln Thr Asp Phe Glu Val Asp Thr Cys	
65 70 75 80	

atg cat ttg act tgt acg aac atg tcc aca gaa atg att gac gca gct	288
Met His Leu Thr Cys Thr Asn Met Ser Thr Glu Met Ile Asp Ala Ala	
85 90 95	

ttg aaa cgg gct cat gaa aca ggg tgt cgt aac ata ttg gcc ctt aga	336
Leu Lys Arg Ala His Glu Thr Gly Cys Arg Asn Ile Leu Ala Leu Arg	
100 105 110	

ggg gat cct gtt aaa gat aca gac tgg act gaa ggc gaa agt gga ttc	384
Gly Asp Pro Val Lys Asp Thr Asp Trp Thr Glu Gly Glu Ser Gly Phe	
115 120 125	

cgg tat gct tca gac tta gtt aga tat att cgc aca cat tat aat gat	432
Arg Tyr Ala Ser Asp Leu Val Arg Tyr Ile Arg Thr His Tyr Asn Asp	
130 135 140	

gaa ttc tgt att ggt gta gct ggc tat cca gaa gga tat tca cca gat	480
Glu Phe Cys Ile Gly Val Ala Gly Tyr Pro Glu Gly Tyr Ser Pro Asp	
145 150 155 160	
gat gac att gat gaa agc ata aag cat ctg aaa tta aaa gtc gat gaa	528
Asp Asp Ile Asp Glu Ser Ile Lys His Leu Lys Leu Lys Val Asp Glu	
165 170 175	
ggg gct gat ttt atc gtt act caa atg ttt tat gat gta gac aat ttt	576
Gly Ala Asp Phe Ile Val Thr Gln Met Phe Tyr Asp Val Asp Asn Phe	
180 185 190	
atc gca tgg gtc gat aaa gtg cgt gca gca gga ata aat atc cct ata	624
Ile Ala Trp Val Asp Lys Val Arg Ala Ala Gly Ile Asn Ile Pro Ile	
195 200 205	
ttt ccg ggc att atg cct att cag gca tgg gat tcc ttt att cgg aga	672
Phe Pro Gly Ile Met Pro Ile Gln Ala Trp Asp Ser Phe Ile Arg Arg	
210 215 220	
gcg aaa tgg agc ggt gtt aaa att ccc cag cat ttt atg gat act cta	720
Ala Lys Trp Ser Gly Val Lys Ile Pro Gln His Phe Met Asp Thr Leu	
225 230 235 240	
gtc cca gtt aaa gac gat gat gaa gga gtc cgt gag cgt ggt gtt gag	768
Val Pro Val Lys Asp Asp Asp Glu Gly Val Arg Glu Arg Gly Val Glu	
245 250 255	
ctc ata gtc gaa atg tgc cgt aag ctt ata gct agt ggc att acg aga	816
Leu Ile Val Glu Met Cys Arg Lys Leu Ile Ala Ser Gly Ile Thr Arg	
260 265 270	
ctt cat ttt tac act atg aat tta gaa aag gcc gtt aaa atg att att	864
Leu His Phe Tyr Thr Met Asn Leu Glu Lys Ala Val Lys Met Ile Ile	
275 280 285	
gaa cga tta ggt tta tta gat gaa aac ttg gct cct ata gtg gat act	912
Glu Arg Leu Gly Leu Leu Asp Glu Asn Leu Ala Pro Ile Val Asp Thr	
290 295 300	
aat aac gtc gag tta acc aat gct tcc agt caa gat cgt cgg ata aat	960
Asn Asn Val Glu Leu Thr Asn Ala Ser Ser Gln Asp Arg Arg Ile Asn	
305 310 315 320	
gaa ggt gta cgg ccc att ttc tgg cgc act cgt aat gaa agt tat gtc	1008
Glu Gly Val Arg Pro Ile Phe Trp Arg Thr Arg Asn Glu Ser Tyr Val	
325 330 335	
tcg cgt act gat cag tgg gac gaa tta ccg cat ggt cgt tgg ggt gac	1056
Ser Arg Thr Asp Gln Trp Asp Glu Leu Pro His Gly Arg Trp Gly Asp	
340 345 350	
tct cgt agc cct gct ttt ggc gaa ttt gat gct att aga tat ggt ctt	1104
Ser Arg Ser Pro Ala Phe Gly Glu Phe Asp Ala Ile Arg Tyr Gly Leu	
355 360 365	
cgt atg tct ccc aag gag atc aca aca tcg tgg ggg tct cct aaa tct	1152
Arg Met Ser Pro Lys Glu Ile Thr Thr Ser Trp Gly Ser Pro Lys Ser	
370 375 380	

tac tcg gaa atc ggc gat ttg ttt gcc agg tac tgt gaa aaa aag att	1200
Tyr Ser Glu Ile Gly Asp Leu Phe Ala Arg Tyr Cys Glu Lys Lys Ile	
385 390 395 400	
agc tcc ctc cct tgg agt gat ctt ccc ata tcc gat gaa gcc gac ttg	1248
Ser Ser Leu Pro Trp Ser Asp Leu Pro Ile Ser Asp Glu Ala Asp Leu	
405 410 415	
att cgg gat caa ctt cta agt atg aat aga aac gct ttc ctt act ata	1296
Ile Arg Asp Gln Leu Leu Ser Met Asn Arg Asn Ala Phe Leu Thr Ile	
420 425 430	
aat tct caa cct gct ctt aac ggc gaa aag agt tca cat cct gtt ttt	1344
Asn Ser Gln Pro Ala Leu Asn Gly Glu Lys Ser Ser His Pro Val Phe	
435 440 445	
gga tgg gga cca cct aat ggt tat gtt ttc caa aaa cca tac gtt gag	1392
Gly Trp Gly Pro Pro Asn Gly Tyr Val Phe Gln Lys Pro Tyr Val Glu	
450 455 460	
ttt ttc gtt cac ccc tca ctc ttg aat gaa ctc aaa gaa acc gtt aaa	1440
Phe Phe Val His Pro Ser Leu Leu Asn Glu Leu Lys Glu Thr Val Lys	
465 470 475 480	
aag ctt aat tca gtt tcc tac ttt gtt aca aac aag aat gga gac ttg	1488
Lys Leu Asn Ser Val Ser Tyr Phe Val Thr Asn Lys Asn Gly Asp Leu	
485 490 495	
gat acc aac tca caa tat gag att cca aat gcg gtt aca tgg ggt gtt	1536
Asp Thr Asn Ser Gln Tyr Glu Ile Pro Asn Ala Val Thr Trp Gly Val	
500 505 510	
ttc cct aat cgt gag att atc caa cct act att gtc gag tca acc tct	1584
Phe Pro Asn Arg Glu Ile Ile Gln Pro Thr Ile Val Glu Ser Thr Ser	
515 520 525	
ttt ctt gct tgg aaa gat gaa gcc tat tca ttg ggc atg gaa tgg gct	1632
Phe Leu Ala Trp Lys Asp Glu Ala Tyr Ser Leu Gly Met Glu Trp Ala	
530 535 540	
aat gca tat agc cct gat tca att tct cgt aaa ctt ttg gtt tct atg	1680
Asn Ala Tyr Ser Pro Asp Ser Ile Ser Arg Lys Leu Leu Val Ser Met	
545 550 555 560	
atg aag gaa tgg ttc ctt tgt gtc ata gtt gat aac gat ttt caa aat	1728
Met Lys Glu Trp Phe Leu Cys Val Ile Val Asp Asn Asp Phe Gln Asn	
565 570 575	
ggg caa tct ttg ttt gat gtt ttt aac aaa atg aga tct tta aaa gac	1776
Gly Gln Ser Leu Phe Asp Val Phe Asn Lys Met Arg Ser Leu Lys Asp	
580 585 590	
atc cat cct gag cta tat tat gca aat gca tca taa	1812
Ile His Pro Glu Leu Tyr Tyr Ala Asn Ala Ser	
595 600	

<210> 22

<211> 603

<212> PRT

<213> Schizosaccharomyces pombe

<400> 22

Met Lys Ile Ser Asp Lys Leu Leu His Pro Asp Trp Lys Glu Lys Val
 1 5 10 15
 Thr Tyr Ser Tyr Glu Phe Phe Pro Pro Lys Thr Ser Thr Gly Val Gln
 20 25 30
 Asn Leu Tyr Asn Arg Ile Asp Arg Met Lys Thr Trp Gly Arg Pro Met
 35 40 45
 Phe Val Asp Val Thr Trp Gly Ala Gly Gly Thr Ser Ser Glu Leu Thr
 50 55 60
 Pro Gly Ile Val Asn Val Ile Gln Thr Asp Phe Glu Val Asp Thr Cys
 65 70 75 80
 Met His Leu Thr Cys Thr Asn Met Ser Thr Glu Met Ile Asp Ala Ala
 85 90 95
 Leu Lys Arg Ala His Glu Thr Gly Cys Arg Asn Ile Leu Ala Leu Arg
 100 105 110
 Gly Asp Pro Val Lys Asp Thr Asp Trp Thr Glu Gly Glu Ser Gly Phe
 115 120 125
 Arg Tyr Ala Ser Asp Leu Val Arg Tyr Ile Arg Thr His Tyr Asn Asp
 130 135 140
 Glu Phe Cys Ile Gly Val Ala Gly Tyr Pro Glu Gly Tyr Ser Pro Asp
 145 150 155 160
 Asp Asp Ile Asp Glu Ser Ile Lys His Leu Lys Leu Lys Val Asp Glu
 165 170 175
 Gly Ala Asp Phe Ile Val Thr Gln Met Phe Tyr Asp Val Asp Asn Phe
 180 185 190
 Ile Ala Trp Val Asp Lys Val Arg Ala Ala Gly Ile Asn Ile Pro Ile
 195 200 205
 Phe Pro Gly Ile Met Pro Ile Gln Ala Trp Asp Ser Phe Ile Arg Arg
 210 215 220
 Ala Lys Trp Ser Gly Val Lys Ile Pro Gln His Phe Met Asp Thr Leu
 225 230 235 240
 Val Pro Val Lys Asp Asp Asp Glu Gly Val Arg Glu Arg Gly Val Glu
 245 250 255
 Leu Ile Val Glu Met Cys Arg Lys Leu Ile Ala Ser Gly Ile Thr Arg
 260 265 270
 Leu His Phe Tyr Thr Met Asn Leu Glu Lys Ala Val Lys Met Ile Ile
 275 280 285
 Glu Arg Leu Gly Leu Leu Asp Glu Asn Leu Ala Pro Ile Val Asp Thr
 290 295 300
 Asn Asn Val Glu Leu Thr Asn Ala Ser Ser Gln Asp Arg Arg Ile Asn
 305 310 315 320

Glu Gly Val Arg Pro Ile Phe Trp Arg Thr Arg Asn Glu Ser Tyr Val
 325 330 335
 Ser Arg Thr Asp Gln Trp Asp Glu Leu Pro His Gly Arg Trp Gly Asp
 340 345 350
 Ser Arg Ser Pro Ala Phe Gly Glu Phe Asp Ala Ile Arg Tyr Gly Leu
 355 360 365
 Arg Met Ser Pro Lys Glu Ile Thr Thr Ser Trp Gly Ser Pro Lys Ser
 370 375 380
 Tyr Ser Glu Ile Gly Asp Leu Phe Ala Arg Tyr Cys Glu Lys Lys Ile
 385 390 395 400
 Ser Ser Leu Pro Trp Ser Asp Leu Pro Ile Ser Asp Glu Ala Asp Leu
 405 410 415
 Ile Arg Asp Gln Leu Leu Ser Met Asn Arg Asn Ala Phe Leu Thr Ile
 420 425 430
 Asn Ser Gln Pro Ala Leu Asn Gly Glu Lys Ser Ser His Pro Val Phe
 435 440 445
 Gly Trp Gly Pro Pro Asn Gly Tyr Val Phe Gln Lys Pro Tyr Val Glu
 450 455 460
 Phe Phe Val His Pro Ser Leu Leu Asn Glu Leu Lys Glu Thr Val Lys
 465 470 475 480
 Lys Leu Asn Ser Val Ser Tyr Phe Val Thr Asn Lys Asn Gly Asp Leu
 485 490 495
 Asp Thr Asn Ser Gln Tyr Glu Ile Pro Asn Ala Val Thr Trp Gly Val
 500 505 510
 Phe Pro Asn Arg Glu Ile Ile Gln Pro Thr Ile Val Glu Ser Thr Ser
 515 520 525
 Phe Leu Ala Trp Lys Asp Glu Ala Tyr Ser Leu Gly Met Glu Trp Ala
 530 535 540
 Asn Ala Tyr Ser Pro Asp Ser Ile Ser Arg Lys Leu Leu Val Ser Met
 545 550 555 560
 Met Lys Glu Trp Phe Leu Cys Val Ile Val Asp Asn Asp Phe Gln Asn
 565 570 575
 Gly Gln Ser Leu Phe Asp Val Phe Asn Lys Met Arg Ser Leu Lys Asp
 580 585 590
 Ile His Pro Glu Leu Tyr Tyr Ala Asn Ala Ser
 595 600

<210> 23

<211> 1800

<212> DNA

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1797)

<223> RSC08323

<400> 23

atg aag atc aca gaa aaa tta gag caa cat aga cag acc tct ggc aag	48
Met Lys Ile Thr Glu Lys Leu Glu Gln His Arg Gln Thr Ser Gly Lys	
1 5 10 15	
ccc act tac tca ttc gag tac ttc gtc ccg aag act aca caa ggt gta	96
Pro Thr Tyr Ser Phe Glu Tyr Phe Val Pro Lys Thr Thr Gln Gly Val	
20 25 30	
cag aac ctg tat gac cgg atg gac cgg atg tac gag gct tct ttg ccc	144
Gln Asn Leu Tyr Asp Arg Met Asp Arg Met Tyr Glu Ala Ser Leu Pro	
35 40 45	
caa ttt att gac atc acc tgg aat gca ggc ggt gga cgg ttg tca cat	192
Gln Phe Ile Asp Ile Thr Trp Asn Ala Gly Gly Gly Arg Leu Ser His	
50 55 60	
ctg tcc acg gac ttg gtt gcg aca gcg cag tct gtg ctt ggt ttg gaa	240
Leu Ser Thr Asp Leu Val Ala Thr Ala Gln Ser Val Leu Gly Leu Glu	
65 70 75 80	
acg tgc atg cac ctt acc tgc acc aat atg ccc att tcg atg att gac	288
Thr Cys Met His Leu Thr Cys Thr Asn Met Pro Ile Ser Met Ile Asp	
85 90 95	
gac gct tta gaa aac gct tat cac tcc ggt tgc cag aac atc cta gcg	336
Asp Ala Leu Glu Asn Ala Tyr His Ser Gly Cys Gln Asn Ile Leu Ala	
100 105 110	
ctg aga gga gat cct cct agg gac gca gaa aac tgg act ccc gtt gaa	384
Leu Arg Gly Asp Pro Pro Arg Asp Ala Glu Asn Trp Thr Pro Val Glu	
115 120 125	
ggg ggc ttc cag tat gcc aag gac ttg att aag tat atc aag tcc aag	432
Gly Gly Phe Gln Tyr Ala Lys Asp Leu Ile Lys Tyr Ile Lys Ser Lys	
130 135 140	
tac ggt gac cat ttc gct atc ggc gtt gcc ggc tac ccg gag tgc cat	480
Tyr Gly Asp His Phe Ala Ile Gly Val Ala Gly Tyr Pro Glu Cys His	
145 150 155 160	
ccg gag ttg cct aac aaa gac gtg aag ctt gat ctc gag tat ttg agc	528
Pro Glu Leu Pro Asn Lys Asp Val Lys Leu Asp Leu Glu Tyr Leu Ser	
165 170 175	
aga aga tcg acc ggc ggc gac ttc atc atc act cag atg ttt tac gat	576
Arg Arg Ser Thr Gly Gly Asp Phe Ile Ile Thr Gln Met Phe Tyr Asp	
180 185 190	
gtt gat aat tta ctc aac tgg tgt tcc caa gtt aga gct gcg ggc atg	624
Val Asp Asn Leu Leu Asn Trp Cys Ser Gln Val Arg Ala Ala Gly Met	
195 200 205	
gac gtg ccc att att ccc ggg atc atg ccg atc act acc tac gcg gcc	672
Asp Val Pro Ile Ile Pro Gly Ile Met Pro Ile Thr Thr Tyr Ala Ala	

210	215	220	
ttc ttg aga agg atc caa tgg ggc caa atc tcc atc cct caa cat ttc			720
Phe Leu Arg Arg Ile Gln Trp Gly Gln Ile Ser Ile Pro Gln His Phe			
225	230	235	240
tcg tcc cga ttg gat cct atc aag gac gat gac gag ttg gtc cgt gat			768
Ser Ser Arg Leu Asp Pro Ile Lys Asp Asp Asp Glu Leu Val Arg Asp			
	245	250	255
atc gga act aac ttg atc gtg gaa atg tgt caa aaa ttg ctc gac agt			816
Ile Gly Thr Asn Leu Ile Val Glu Met Cys Gln Lys Leu Leu Asp Ser			
	260	265	270
ggg tac gtt tct cac ttg cac atc tac acc atg aac ttg gaa aaa gcg			864
Gly Tyr Val Ser His Leu His Ile Tyr Thr Met Asn Leu Glu Lys Ala			
	275	280	285
cct ctc atg att ctg gaa aga ttg aac att cta cct acg gaa tca gag			912
Pro Leu Met Ile Leu Glu Arg Leu Asn Ile Leu Pro Thr Glu Ser Glu			
	290	295	300
ttc aat gca cat cca ttg gcc gtg ttg cca tgg aga aaa tct ttg aat			960
Phe Asn Ala His Pro Leu Ala Val Leu Pro Trp Arg Lys Ser Leu Asn			
305	310	315	320
cca aag cgt aaa aac gag gaa gtc aga cct atc ttc tgg aag aga aga			1008
Pro Lys Arg Lys Asn Glu Glu Val Arg Pro Ile Phe Trp Lys Arg Arg			
	325	330	335
cct tac tcc tat gtc gca aga acc tct caa tgg gcc gtg gac gaa ttc			1056
Pro Tyr Ser Tyr Val Ala Arg Thr Ser Gln Trp Ala Val Asp Glu Phe			
	340	345	350
ccc aac ggt aga ttc ggt gat tcg tct tct cct gcg ttc ggt gac ttg			1104
Pro Asn Gly Arg Phe Gly Asp Ser Ser Ser Pro Ala Phe Gly Asp Leu			
	355	360	365
gat ctg tgt ggt tca gac ttg atc agg caa tca gcg aac aaa tgt ctc			1152
Asp Leu Cys Gly Ser Asp Leu Ile Arg Gln Ser Ala Asn Lys Cys Leu			
	370	375	380
gaa tta tgg tcc acc cct act tcc atc aac gac gtc gcc ttc ttg gtc			1200
Glu Leu Trp Ser Thr Pro Thr Ser Ile Asn Asp Val Ala Phe Leu Val			
385	390	395	400
atc aac tac ttg aat gga aac ttg aag tgt tta cct tgg agt gat atc			1248
Ile Asn Tyr Leu Asn Gly Asn Leu Lys Cys Leu Pro Trp Ser Asp Ile			
	405	410	415
ccc atc aat gat gaa ata aat cca atc aaa gca cac ttg att gag ctg			1296
Pro Ile Asn Asp Glu Ile Asn Pro Ile Lys Ala His Leu Ile Glu Leu			
	420	425	430
aac cag cat tct atc atc act ata aac tct caa cct caa gtc aac ggc			1344
Asn Gln His Ser Ile Ile Thr Ile Asn Ser Gln Pro Gln Val Asn Gly			
	435	440	445
att agg tcc aat gac aaa att cat ggt tgg gga ccc aag gat ggt tac			1392
Ile Arg Ser Asn Asp Lys Ile His Gly Trp Gly Pro Lys Asp Gly Tyr			
	450	455	460

gtt tac cag aag caa tat ttg gaa ttt atg ttg ccc aag act aag ttg 1440
 Val Tyr Gln Lys Gln Tyr Leu Glu Phe Met Leu Pro Lys Thr Lys Leu
 465 470 475 480

 ccc aag ttg att gac acc ttg aaa aac aat gag ttc ttg acc tac ttc 1488
 Pro Lys Leu Ile Asp Thr Leu Lys Asn Asn Glu Phe Leu Thr Tyr Phe
 485 490 495

 gcc atc gac tct caa ggt gac ctg cta agt aat cat cca gac aac tcc 1536
 Ala Ile Asp Ser Gln Gly Asp Leu Leu Ser Asn His Pro Asp Asn Ser
 500 505 510

 aag tcc aac gct gtg act tgg ggt att ttc ccc ggc aga gaa att ctt 1584
 Lys Ser Asn Ala Val Thr Trp Gly Ile Phe Pro Gly Arg Glu Ile Leu
 515 520 525

 caa cct acc att gtc gag aaa att tcg ttc tta gcg tgg aag gag gag 1632
 Gln Pro Thr Ile Val Glu Lys Ile Ser Phe Leu Ala Trp Lys Glu Glu
 530 535 540

 ttc tat cat atc ttg aat gaa tgg aaa cta aac atg aat aaa tac gat 1680
 Phe Tyr His Ile Leu Asn Glu Trp Lys Leu Asn Met Asn Lys Tyr Asp
 545 550 555 560

 aaa ccg cat agt gcc caa ttc att cag tcc ttg att gac gat tac tgc 1728
 Lys Pro His Ser Ala Gln Phe Ile Gln Ser Leu Ile Asp Asp Tyr Cys
 565 570 575

 ttg gtc aat att gtt gac aat gac tac att tct cca gat gat caa atc 1776
 Leu Val Asn Ile Val Asp Asn Asp Tyr Ile Ser Pro Asp Asp Gln Ile
 580 585 590

 cat tcc atc cta cta agc cta taa 1800
 His Ser Ile Leu Leu Ser Leu
 595

<210> 24

<211> 599

<212> PRT

<213> *Saccharomyces cerevisiae*

<400> 24

Met Lys Ile Thr Glu Lys Leu Glu Gln His Arg Gln Thr Ser Gly Lys
 1 5 10 15

 Pro Thr Tyr Ser Phe Glu Tyr Phe Val Pro Lys Thr Thr Gln Gly Val
 20 25 30

 Gln Asn Leu Tyr Asp Arg Met Asp Arg Met Tyr Glu Ala Ser Leu Pro
 35 40 45

 Gln Phe Ile Asp Ile Thr Trp Asn Ala Gly Gly Gly Arg Leu Ser His
 50 55 60

 Leu Ser Thr Asp Leu Val Ala Thr Ala Gln Ser Val Leu Gly Leu Glu
 65 70 75 80

 Thr Cys Met His Leu Thr Cys Thr Asn Met Pro Ile Ser Met Ile Asp
 85 90 95

Asp Ala Leu Glu Asn Ala Tyr His Ser Gly Cys Gln Asn Ile Leu Ala
 100 105 110
 Leu Arg Gly Asp Pro Pro Arg Asp Ala Glu Asn Trp Thr Pro Val Glu
 115 120 125
 Gly Gly Phe Gln Tyr Ala Lys Asp Leu Ile Lys Tyr Ile Lys Ser Lys
 130 135 140
 Tyr Gly Asp His Phe Ala Ile Gly Val Ala Gly Tyr Pro Glu Cys His
 145 150 155 160
 Pro Glu Leu Pro Asn Lys Asp Val Lys Leu Asp Leu Glu Tyr Leu Ser
 165 170 175
 Arg Arg Ser Thr Gly Gly Asp Phe Ile Ile Thr Gln Met Phe Tyr Asp
 180 185 190
 Val Asp Asn Leu Leu Asn Trp Cys Ser Gln Val Arg Ala Ala Gly Met
 195 200 205
 Asp Val Pro Ile Ile Pro Gly Ile Met Pro Ile Thr Thr Tyr Ala Ala
 210 215 220
 Phe Leu Arg Arg Ile Gln Trp Gly Gln Ile Ser Ile Pro Gln His Phe
 225 230 235 240
 Ser Ser Arg Leu Asp Pro Ile Lys Asp Asp Asp Glu Leu Val Arg Asp
 245 250 255
 Ile Gly Thr Asn Leu Ile Val Glu Met Cys Gln Lys Leu Leu Asp Ser
 260 265 270
 Gly Tyr Val Ser His Leu His Ile Tyr Thr Met Asn Leu Glu Lys Ala
 275 280 285
 Pro Leu Met Ile Leu Glu Arg Leu Asn Ile Leu Pro Thr Glu Ser Glu
 290 295 300
 Phe Asn Ala His Pro Leu Ala Val Leu Pro Trp Arg Lys Ser Leu Asn
 305 310 315 320
 Pro Lys Arg Lys Asn Glu Glu Val Arg Pro Ile Phe Trp Lys Arg Arg
 325 330 335
 Pro Tyr Ser Tyr Val Ala Arg Thr Ser Gln Trp Ala Val Asp Glu Phe
 340 345 350
 Pro Asn Gly Arg Phe Gly Asp Ser Ser Ser Pro Ala Phe Gly Asp Leu
 355 360 365
 Asp Leu Cys Gly Ser Asp Leu Ile Arg Gln Ser Ala Asn Lys Cys Leu
 370 375 380
 Glu Leu Trp Ser Thr Pro Thr Ser Ile Asn Asp Val Ala Phe Leu Val
 385 390 395 400
 Ile Asn Tyr Leu Asn Gly Asn Leu Lys Cys Leu Pro Trp Ser Asp Ile
 405 410 415

Pro Ile Asn Asp Glu Ile Asn Pro Ile Lys Ala His Leu Ile Glu Leu
 420 425 430

Asn Gln His Ser Ile Ile Thr Ile Asn Ser Gln Pro Gln Val Asn Gly
 435 440 445

Ile Arg Ser Asn Asp Lys Ile His Gly Trp Gly Pro Lys Asp Gly Tyr
 450 455 460

Val Tyr Gln Lys Gln Tyr Leu Glu Phe Met Leu Pro Lys Thr Lys Leu
 465 470 475 480

Pro Lys Leu Ile Asp Thr Leu Lys Asn Asn Glu Phe Leu Thr Tyr Phe
 485 490 495

Ala Ile Asp Ser Gln Gly Asp Leu Leu Ser Asn His Pro Asp Asn Ser
 500 505 510

Lys Ser Asn Ala Val Thr Trp Gly Ile Phe Pro Gly Arg Glu Ile Leu
 515 520 525

Gln Pro Thr Ile Val Glu Lys Ile Ser Phe Leu Ala Trp Lys Glu Glu
 530 535 540

Phe Tyr His Ile Leu Asn Glu Trp Lys Leu Asn Met Asn Lys Tyr Asp
 545 550 555 560

Lys Pro His Ser Ala Gln Phe Ile Gln Ser Leu Ile Asp Asp Tyr Cys
 565 570 575

Leu Val Asn Ile Val Asp Asn Asp Tyr Ile Ser Pro Asp Asp Gln Ile
 580 585 590

His Ser Ile Leu Leu Ser Leu
 595

<210> 25

<211> 897

<212> DNA

<213> *Erwinia carotovora*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(894)

<223> RBO00089

<400> 25

atg agc ttt ttt cac gca aac cag cgg gaa gcg ctg aat caa agt ctg 48
 Met Ser Phe Phe His Ala Asn Gln Arg Glu Ala Leu Asn Gln Ser Leu
 1 5 10 15

gcg gaa ttg cag gga cga att aat gtg tca ttt gaa ttt ttc ccg cca 96
 Ala Glu Leu Gln Gly Arg Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro
 20 25 30

cgt acc agc gat atg gaa gaa acc ctg tgg agc tct atc gat cga ctg 144
 Arg Thr Ser Asp Met Glu Glu Thr Leu Trp Ser Ser Ile Asp Arg Leu
 35 40 45

agc agc ctg aag ccc aag ttt gtt tcc gtg act tac ggg gcg aat tct 192

Ser	Ser	Leu	Lys	Pro	Lys	Phe	Val	Ser	Val	Thr	Tyr	Gly	Ala	Asn	Ser		
50						55					60						
ggc	gag	cgt	gac	cgt	act	cac	agc	att	atc	aaa	acg	att	aaa	gag	cgt	240	
Gly	Glu	Arg	Asp	Arg	Thr	His	Ser	Ile	Ile	Lys	Thr	Ile	Lys	Glu	Arg		
65					70					75					80		
acc	ggt	ctg	gaa	gcg	gca	cct	cac	ctg	acc	tgc	atc	gat	gct	tca	cgc	288	
Thr	Gly	Leu	Glu	Ala	Ala	Pro	His	Leu	Thr	Cys	Ile	Asp	Ala	Ser	Arg		
				85					90					95			
gaa	cag	ctg	cgt	gaa	atc	gct	cag	gat	tac	tgg	gag	agt	ggc	atc	cgc	336	
Glu	Gln	Leu	Arg	Glu	Ile	Ala	Gln	Asp	Tyr	Trp	Glu	Ser	Gly	Ile	Arg		
			100					105					110				
cat	att	gtc	gcg	ctg	cgc	ggc	gac	ttg	cct	caa	gaa	ggc	ggc	aaa	ccg	384	
His	Ile	Val	Ala	Leu	Arg	Gly	Asp	Leu	Pro	Gln	Glu	Gly	Gly	Lys	Pro		
		115					120					125					
gac	atg	tac	gcg	gcg	gat	ctg	gtt	tcc	ctg	ctg	aaa	gag	gtc	ggc	gat	432	
Asp	Met	Tyr	Ala	Ala	Asp	Leu	Val	Ser	Leu	Leu	Lys	Glu	Val	Gly	Asp		
	130					135					140						
ttc	gat	att	tcc	gtt	gcc	gcc	tat	cct	gaa	gta	cac	cct	gaa	gcg	aaa	480	
Phe	Asp	Ile	Ser	Val	Ala	Ala	Tyr	Pro	Glu	Val	His	Pro	Glu	Ala	Lys		
145					150					155					160		
agc	gcg	cag	gct	gac	ctg	att	aac	ctg	aaa	cac	aag	att	gat	gcc	ggc	528	
Ser	Ala	Gln	Ala	Asp	Leu	Ile	Asn	Leu	Lys	His	Lys	Ile	Asp	Ala	Gly		
				165				170						175			
gcg	aat	cgc	gct	atc	aca	cag	ttc	ttt	ttc	gac	gta	gaa	agc	tat	ttg	576	
Ala	Asn	Arg	Ala	Ile	Thr	Gln	Phe	Phe	Phe	Asp	Val	Glu	Ser	Tyr	Leu		
				180				185					190				
cgg	ttc	cgt	gac	cgc	tgc	gtg	gca	acg	ggc	atc	gat	gta	gaa	att	gtg	624	
Arg	Phe	Arg	Asp	Arg	Cys	Val	Ala	Thr	Gly	Ile	Asp	Val	Glu	Ile	Val		
		195					200					205					
ccg	ggc	att	ctg	cca	gta	tcg	aac	ttc	aaa	cag	ttg	cag	aaa	ttt	gcc	672	
Pro	Gly	Ile	Leu	Pro	Val	Ser	Asn	Phe	Lys	Gln	Leu	Gln	Lys	Phe	Ala		
	210					215					220						
acg	atg	acc	aac	gtc	cgt	gtg	ccg	aac	tgg	atg	acg	acc	atg	ttt	gac	720	
Thr	Met	Thr	Asn	Val	Arg	Val	Pro	Asn	Trp	Met	Thr	Thr	Met	Phe	Asp		
	225				230				235						240		
ggc	ctg	gat	aac	gat	cca	gaa	acc	cgc	aaa	atg	gtg	ggg	gcg	tct	atc	768	
Gly	Leu	Asp	Asn	Asp	Pro	Glu	Thr	Arg	Lys	Met	Val	Gly	Ala	Ser	Ile		
				245					250					255			
gcc	atg	gat	atg	gtg	aaa	att	ctc	agc	cgc	gaa	ggc	gta	aaa	gat	ttc	816	
Ala	Met	Asp	Met	Val	Lys	Ile	Leu	Ser	Arg	Glu	Gly	Val	Lys	Asp	Phe		
				260				265					270				
cat	ttc	tat	acg	ctg	aac	cgc	gcg	gag	ctg	agc	tat	gcg	att	tgc	cat	864	
His	Phe	Tyr	Thr	Leu	Asn	Arg	Ala	Glu	Leu	Ser	Tyr	Ala	Ile	Cys	His		
		275					280					285					
acg	ctg	ggc	gtc	cgc	cct	gat	gta	gca	cgc	tga						897	
Thr	Leu	Gly	Val	Arg	Pro	Asp	Val	Ala	Arg								

290

295

<210> 26

<211> 298

<212> PRT

<213> *Erwinia carotovora*

<400> 26

Met Ser Phe Phe His Ala Asn Gln Arg Glu Ala Leu Asn Gln Ser Leu
 1 5 10 15

Ala Glu Leu Gln Gly Arg Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro
 20 25 30

Arg Thr Ser Asp Met Glu Glu Thr Leu Trp Ser Ser Ile Asp Arg Leu
 35 40 45

Ser Ser Leu Lys Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser
 50 55 60

Gly Glu Arg Asp Arg Thr His Ser Ile Ile Lys Thr Ile Lys Glu Arg
 65 70 75 80

Thr Gly Leu Glu Ala Ala Pro His Leu Thr Cys Ile Asp Ala Ser Arg
 85 90 95

Glu Gln Leu Arg Glu Ile Ala Gln Asp Tyr Trp Glu Ser Gly Ile Arg
 100 105 110

His Ile Val Ala Leu Arg Gly Asp Leu Pro Gln Glu Gly Gly Lys Pro
 115 120 125

Asp Met Tyr Ala Ala Asp Leu Val Ser Leu Leu Lys Glu Val Gly Asp
 130 135 140

Phe Asp Ile Ser Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys
 145 150 155 160

Ser Ala Gln Ala Asp Leu Ile Asn Leu Lys His Lys Ile Asp Ala Gly
 165 170 175

Ala Asn Arg Ala Ile Thr Gln Phe Phe Phe Asp Val Glu Ser Tyr Leu
 180 185 190

Arg Phe Arg Asp Arg Cys Val Ala Thr Gly Ile Asp Val Glu Ile Val
 195 200 205

Pro Gly Ile Leu Pro Val Ser Asn Phe Lys Gln Leu Gln Lys Phe Ala
 210 215 220

Thr Met Thr Asn Val Arg Val Pro Asn Trp Met Thr Thr Met Phe Asp
 225 230 235 240

Gly Leu Asp Asn Asp Pro Glu Thr Arg Lys Met Val Gly Ala Ser Ile
 245 250 255

Ala Met Asp Met Val Lys Ile Leu Ser Arg Glu Gly Val Lys Asp Phe
 260 265 270

His Phe Tyr Thr Leu Asn Arg Ala Glu Leu Ser Tyr Ala Ile Cys His

275

280

285

Thr Leu Gly Val Arg Pro Asp Val Ala Arg
 290 295

<210> 27

<211> 888

<212> DNA

<213> *Klebsiella pneumoniae*

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (885)

<223> RKP07488

<400> 27

atg agc ttt ttt cac gcc aat cag cgg gaa gcc ctg aat cag agc ctg 48
 Met Ser Phe Phe His Ala Asn Gln Arg Glu Ala Leu Asn Gln Ser Leu
 1 5 10 15

gcg gaa gtc cag ggc cag att aat gtg tct ttt gaa ttc ttt ccg ccg 96
 Ala Glu Val Gln Gly Gln Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro
 20 25 30

cgc acc agt gaa atg gag caa acc ctg tgg aaa tcc atc gat cgc ctg 144
 Arg Thr Ser Glu Met Glu Gln Thr Leu Trp Lys Ser Ile Asp Arg Leu
 35 40 45

agc agt ctg aaa ccg aag ttt gtt tgc gta acc tat ggc gcg aac tct 192
 Ser Ser Leu Lys Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser
 50 55 60

ggc gag cgc gat cgc acc cac agc atc atc aaa ggc att aaa gag cga 240
 Gly Glu Arg Asp Arg Thr His Ser Ile Ile Lys Gly Ile Lys Glu Arg
 65 70 75 80

acc ggt ctg gaa gca gcg ccg cac ctg acc tgt atc gat gcc agc cgc 288
 Thr Gly Leu Glu Ala Ala Pro His Leu Thr Cys Ile Asp Ala Ser Arg
 85 90 95

gat gag ttg cgc act atc gct cag gat tac tgg aac aac ggt atc cgc 336
 Asp Glu Leu Arg Thr Ile Ala Gln Asp Tyr Trp Asn Asn Gly Ile Arg
 100 105 110

cat atc gtc gcc ctg cgc ggc gac ctg ccg ccg ggc agc ggt aaa ccg 384
 His Ile Val Ala Leu Arg Gly Asp Leu Pro Pro Gly Ser Gly Lys Pro
 115 120 125

gat atg tac gcc gcc gat ctg gtg acg ttg ctg aaa gag gta ggc gat 432
 Asp Met Tyr Ala Ala Asp Leu Val Thr Leu Leu Lys Glu Val Gly Asp
 130 135 140

ttt gat atc tct gtc gcc gcg tat ccg gaa gtg cat ccg gag gcg aaa 480
 Phe Asp Ile Ser Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys
 145 150 155 160

agc gcg cag gcg gat tta ctg aac ctg aag cgc aaa gta gaa gca ggg 528
 Ser Ala Gln Ala Asp Leu Leu Asn Leu Lys Arg Lys Val Glu Ala Gly
 165 170 175

gcc aac cgc gcg atc acc cag ttc ttc ttc gat gtg gaa agc tac ctg 576
 Ala Asn Arg Ala Ile Thr Gln Phe Phe Phe Asp Val Glu Ser Tyr Leu
 180 185 190
 cgt ttt cgc gat cgc tgc gtc tcg gca ggc atc gac gtg gaa atc att 624
 Arg Phe Arg Asp Arg Cys Val Ser Ala Gly Ile Asp Val Glu Ile Ile
 195 200 205
 ccc ggt atc ctg ccg gtc tcc aac ttt aaa cag gcg aaa aag ttt gcg 672
 Pro Gly Ile Leu Pro Val Ser Asn Phe Lys Gln Ala Lys Lys Phe Ala
 210 215 220
 gat atg acc aac gtc cgt atc ccg gtg tgg atg tca aaa atg ttc gaa 720
 Asp Met Thr Asn Val Arg Ile Pro Val Trp Met Ser Lys Met Phe Glu
 225 230 235 240
 ggg ctg gat aac gac gcc gaa acc cgt caa ctg gtg ggg gcg aat atc 768
 Gly Leu Asp Asn Asp Ala Glu Thr Arg Gln Leu Val Gly Ala Asn Ile
 245 250 255
 gcc atg gac atg gtg aag atc tta agc cgg gaa ggg gtc aag gat ttc 816
 Ala Met Asp Met Val Lys Ile Leu Ser Arg Glu Gly Val Lys Asp Phe
 260 265 270
 cac ttc tac acc ctg aac cgc gcc gag atg agc tac gcc atc tgc cat 864
 His Phe Tyr Thr Leu Asn Arg Ala Glu Met Ser Tyr Ala Ile Cys His
 275 280 285
 acg ctg ggc gta cgc ccg gcc tga 888
 Thr Leu Gly Val Arg Pro Ala
 290 295

<210> 28

<211> 295

<212> PRT

<213> *Klebsiella pneumoniae*

<400> 28

Met Ser Phe Phe His Ala Asn Gln Arg Glu Ala Leu Asn Gln Ser Leu
 1 5 10 15
 Ala Glu Val Gln Gly Gln Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro
 20 25 30
 Arg Thr Ser Glu Met Glu Gln Thr Leu Trp Lys Ser Ile Asp Arg Leu
 35 40 45
 Ser Ser Leu Lys Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser
 50 55 60
 Gly Glu Arg Asp Arg Thr His Ser Ile Ile Lys Gly Ile Lys Glu Arg
 65 70 75 80
 Thr Gly Leu Glu Ala Ala Pro His Leu Thr Cys Ile Asp Ala Ser Arg
 85 90 95
 Asp Glu Leu Arg Thr Ile Ala Gln Asp Tyr Trp Asn Asn Gly Ile Arg
 100 105 110
 His Ile Val Ala Leu Arg Gly Asp Leu Pro Pro Gly Ser Gly Lys Pro

115	120	125
Asp Met Tyr Ala Ala Asp	Leu Val Thr Leu Leu Lys	Glu Val Gly Asp
130	135	140
Phe Asp Ile Ser Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys		
145	150	155 160
Ser Ala Gln Ala Asp	Leu Leu Asn Leu Lys Arg Lys Val Glu Ala Gly	
165	170	175
Ala Asn Arg Ala Ile Thr Gln Phe Phe Phe Asp Val Glu Ser Tyr Leu		
180	185	190
Arg Phe Arg Asp Arg Cys Val Ser Ala Gly Ile Asp Val Glu Ile Ile		
195	200	205
Pro Gly Ile Leu Pro Val Ser Asn Phe Lys Gln Ala Lys Lys Phe Ala		
210	215	220
Asp Met Thr Asn Val Arg Ile Pro Val Trp Met Ser Lys Met Phe Glu		
225	230	235 240
Gly Leu Asp Asn Asp Ala Glu Thr Arg Gln Leu Val Gly Ala Asn Ile		
245	250	255
Ala Met Asp Met Val Lys Ile Leu Ser Arg Glu Gly Val Lys Asp Phe		
260	265	270
His Phe Tyr Thr Leu Asn Arg Ala Glu Met Ser Tyr Ala Ile Cys His		
275	280	285
Thr Leu Gly Val Arg Pro Ala		
290	295	

<210> 29

<211> 891

<212> DNA

<213> Salmonella typhi

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(888)

<223> RTY02485

<400> 29

atg agc ttt ttt cac gcc aac cag cgg gaa gcc ctg aat cag agc ctg	48
Met Ser Phe Phe His Ala Asn Gln Arg Glu Ala Leu Asn Gln Ser Leu	
1 5 10 15	

gcg gaa gta cag ggt cag att aac gtt tcg ttt gaa ttt ttc ccg ccg	96
Ala Glu Val Gln Gly Gln Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro	
20 25 30	

cgc acc agt gaa atg gag caa acc ctg tgg aac tcc atc gat cgc ctg	144
Arg Thr Ser Glu Met Glu Gln Thr Leu Trp Asn Ser Ile Asp Arg Leu	
35 40 45	

agc agc ctg aaa ccg aag ttt gtt tcg gta acg tat ggc gcc aac tcc	192
Ser Ser Leu Lys Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser	

50	55	60	
ggg gaa cgt gac cgc act cat agt gtt att aaa ggc att aaa gag cgt			240
Gly Glu Arg Asp Arg Thr His Ser Val Ile Lys Gly Ile Lys Glu Arg			
65	70	75	80
act ggg ctt gag gcc gcg ccg cac ctt acc tgt att gac gcc acg cgc			288
Thr Gly Leu Glu Ala Ala Pro His Leu Thr Cys Ile Asp Ala Thr Arg			
	85	90	95
gat gaa ctg cgc acc atc gcc cgc gac tac tgg aat aac ggt atc cgc			336
Asp Glu Leu Arg Thr Ile Ala Arg Asp Tyr Trp Asn Asn Gly Ile Arg			
	100	105	110
cac att gtt gct ttg cgc ggc gat ttg ccg ccg ggc agc ggt aag ccg			384
His Ile Val Ala Leu Arg Gly Asp Leu Pro Pro Gly Ser Gly Lys Pro			
	115	120	125
gag atg tac gcc gcc gat ctg gtt ggt ttg ctc aaa gag gtg gtc gat			432
Glu Met Tyr Ala Ala Asp Leu Val Gly Leu Leu Lys Glu Val Val Asp			
	130	135	140
ttc gat att tca gta gcg gcc tat ccg gag gta cat ccg gaa gcg aaa			480
Phe Asp Ile Ser Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys			
	145	150	155
agc gcg cag gcc gat ctg ctt aat ctg aag cgt aaa gtg gat gct ggc			528
Ser Ala Gln Ala Asp Leu Leu Asn Leu Lys Arg Lys Val Asp Ala Gly			
	165	170	175
gct aac cgc gcg ata acc caa ttt ttc ttc gat gtg gaa agc tat ctg			576
Ala Asn Arg Ala Ile Thr Gln Phe Phe Phe Asp Val Glu Ser Tyr Leu			
	180	185	190
cgt ttt cgc gac cgc tgt gtt tcc gcc ggt atc gac gta gaa att att			624
Arg Phe Arg Asp Arg Cys Val Ser Ala Gly Ile Asp Val Glu Ile Ile			
	195	200	205
ccc ggc att tta ccg gtg tct aac ttt aaa cag gcg aaa aaa ttt gcc			672
Pro Gly Ile Leu Pro Val Ser Asn Phe Lys Gln Ala Lys Lys Phe Ala			
	210	215	220
gat atg acc aat gtc cgc att ccg tcc tgg atg tcg ctg atg ttt gag			720
Asp Met Thr Asn Val Arg Ile Pro Ser Trp Met Ser Leu Met Phe Glu			
	225	230	235
ggg ctg gat gat gac gca gaa acc cgc aag ctg gtg ggc gct aac att			768
Gly Leu Asp Asp Asp Ala Glu Thr Arg Lys Leu Val Gly Ala Asn Ile			
	245	250	255
gcg atg gac atg gtg aaa att tta agc cgc gaa gga gtg aag gat ttc			816
Ala Met Asp Met Val Lys Ile Leu Ser Arg Glu Gly Val Lys Asp Phe			
	260	265	270
cac ttc tac acg ttg aat cgt gcg gaa atg agt tat gcc att tgc cac			864
His Phe Tyr Thr Leu Asn Arg Ala Glu Met Ser Tyr Ala Ile Cys His			
	275	280	285
acg ctg ggc gta aga ccg ggt tta taa			891
Thr Leu Gly Val Arg Pro Gly Leu			
	290	295	

<210> 30
 <211> 296
 <212> PRT
 <213> Salmonella typhi

 <400> 30
 Met Ser Phe Phe His Ala Asn Gln Arg Glu Ala Leu Asn Gln Ser Leu
 1 5 10 15
 Ala Glu Val Gln Gly Gln Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro
 20 25 30
 Arg Thr Ser Glu Met Glu Gln Thr Leu Trp Asn Ser Ile Asp Arg Leu
 35 40 45
 Ser Ser Leu Lys Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser
 50 55 60
 Gly Glu Arg Asp Arg Thr His Ser Val Ile Lys Gly Ile Lys Glu Arg
 65 70 75 80
 Thr Gly Leu Glu Ala Ala Pro His Leu Thr Cys Ile Asp Ala Thr Arg
 85 90 95
 Asp Glu Leu Arg Thr Ile Ala Arg Asp Tyr Trp Asn Asn Gly Ile Arg
 100 105 110
 His Ile Val Ala Leu Arg Gly Asp Leu Pro Pro Gly Ser Gly Lys Pro
 115 120 125
 Glu Met Tyr Ala Ala Asp Leu Val Gly Leu Leu Lys Glu Val Val Asp
 130 135 140
 Phe Asp Ile Ser Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys
 145 150 155 160
 Ser Ala Gln Ala Asp Leu Leu Asn Leu Lys Arg Lys Val Asp Ala Gly
 165 170 175
 Ala Asn Arg Ala Ile Thr Gln Phe Phe Phe Asp Val Glu Ser Tyr Leu
 180 185 190
 Arg Phe Arg Asp Arg Cys Val Ser Ala Gly Ile Asp Val Glu Ile Ile
 195 200 205
 Pro Gly Ile Leu Pro Val Ser Asn Phe Lys Gln Ala Lys Lys Phe Ala
 210 215 220
 Asp Met Thr Asn Val Arg Ile Pro Ser Trp Met Ser Leu Met Phe Glu
 225 230 235 240
 Gly Leu Asp Asp Asp Ala Glu Thr Arg Lys Leu Val Gly Ala Asn Ile
 245 250 255
 Ala Met Asp Met Val Lys Ile Leu Ser Arg Glu Gly Val Lys Asp Phe
 260 265 270
 His Phe Tyr Thr Leu Asn Arg Ala Glu Met Ser Tyr Ala Ile Cys His
 275 280 285

Thr Leu Gly Val Arg Pro Gly Leu
290 295

<210> 31

<211> 891

<212> DNA

<213> *Salmonella typhimurium*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(888)

<223> RSY00593

<400> 31

atg agc ttt ttt cac gcc aac cag cgg gaa gcc ctg aat cag agc ctg	48
Met Ser Phe Phe His Ala Asn Gln Arg Glu Ala Leu Asn Gln Ser Leu	
1 5 10 15	
gcg gaa gta cag ggt cag att aac gtt tcg ttt gaa ttt ttc ccg ccg	96
Ala Glu Val Gln Gly Gln Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro	
20 25 30	
cgc acc agt gaa atg gag caa acc ctg tgg aac tcc atc gat cgc ctg	144
Arg Thr Ser Glu Met Glu Gln Thr Leu Trp Asn Ser Ile Asp Arg Leu	
35 40 45	
agc agt ctg aaa ccg aag ttt gtt tcg gta acg tat ggc gcc aac tcc	192
Ser Ser Leu Lys Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser	
50 55 60	
ggg gaa cgc gac cgc acc cat agc gtt att aaa ggc atc aaa gag cgt	240
Gly Glu Arg Asp Arg Thr His Ser Val Ile Lys Gly Ile Lys Glu Arg	
65 70 75 80	
act ggg ctt gag gcc gcg ccg cac ctt acc tgt att gac gcc acg cgc	288
Thr Gly Leu Glu Ala Ala Pro His Leu Thr Cys Ile Asp Ala Thr Arg	
85 90 95	
gat gaa ctg cgc acc atc gcc ccg gac tac tgg aat aac ggt atc cgc	336
Asp Glu Leu Arg Thr Ile Ala Arg Asp Tyr Trp Asn Asn Gly Ile Arg	
100 105 110	
cac att gtc gct ttg cgc ggc gat ttg ccg ccg ggc agc ggt aag ccg	384
His Ile Val Ala Leu Arg Gly Asp Leu Pro Pro Gly Ser Gly Lys Pro	
115 120 125	
gag atg tac gcc gcc gat ctg gtt ggt ttg ctc aaa gag gtg gcc gat	432
Glu Met Tyr Ala Ala Asp Leu Val Gly Leu Leu Lys Glu Val Ala Asp	
130 135 140	
ttc gat att tca gta gcg gcc tat ccg gag gta cat ccg gaa gcg aaa	480
Phe Asp Ile Ser Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys	
145 150 155 160	
agc gcg cag gcc gat ctg ctt aat ctg aag cgt aaa gtg gat gct ggc	528
Ser Ala Gln Ala Asp Leu Leu Asn Leu Lys Arg Lys Val Asp Ala Gly	
165 170 175	
gct aac cgc gcg ata acc caa ttt ttc ttc gat gtg gaa agc tac ctg	576

Ala Asn Arg Ala Ile Thr Gln Phe Phe Phe Asp Val Glu Ser Tyr Leu
 180 185 190

cgt ttt cgc gac cgc tgt gtt tct gcc ggt atc gac gta gaa att att 624
 Arg Phe Arg Asp Arg Cys Val Ser Ala Gly Ile Asp Val Glu Ile Ile
 195 200 205

ccc ggc att tta ccg gtg tct aac ttt aaa cag gca aaa aaa ttt gcc 672
 Pro Gly Ile Leu Pro Val Ser Asn Phe Lys Gln Ala Lys Lys Phe Ala
 210 215 220

gat atg acc aat gtc cgc att ccg tcc tgg atg tca ctg atg ttt gag 720
 Asp Met Thr Asn Val Arg Ile Pro Ser Trp Met Ser Leu Met Phe Glu
 225 230 235 240

ggg ctg gat aat gac gca gaa acc cgc aag ctg gtg ggc gct aac att 768
 Gly Leu Asp Asn Asp Ala Glu Thr Arg Lys Leu Val Gly Ala Asn Ile
 245 250 255

gcg atg gac atg gtg aaa att tta agc cgt gaa gga gtg aag gat ttc 816
 Ala Met Asp Met Val Lys Ile Leu Ser Arg Glu Gly Val Lys Asp Phe
 260 265 270

cac ttc tac acg ttg aat cgt gcg gaa atg agt tat gcc att tgc cac 864
 His Phe Tyr Thr Leu Asn Arg Ala Glu Met Ser Tyr Ala Ile Cys His
 275 280 285

acg ctg ggc gta aga ccg ggt tta taa 891
 Thr Leu Gly Val Arg Pro Gly Leu
 290 295

<210> 32

<211> 296

<212> PRT

<213> Salmonella typhimurium

<400> 32

Met Ser Phe Phe His Ala Asn Gln Arg Glu Ala Leu Asn Gln Ser Leu
 1 5 10 15

Ala Glu Val Gln Gly Gln Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro
 20 25 30

Arg Thr Ser Glu Met Glu Gln Thr Leu Trp Asn Ser Ile Asp Arg Leu
 35 40 45

Ser Ser Leu Lys Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser
 50 55 60

Gly Glu Arg Asp Arg Thr His Ser Val Ile Lys Gly Ile Lys Glu Arg
 65 70 75 80

Thr Gly Leu Glu Ala Ala Pro His Leu Thr Cys Ile Asp Ala Thr Arg
 85 90 95

Asp Glu Leu Arg Thr Ile Ala Arg Asp Tyr Trp Asn Asn Gly Ile Arg
 100 105 110

His Ile Val Ala Leu Arg Gly Asp Leu Pro Pro Gly Ser Gly Lys Pro
 115 120 125

Glu Met Tyr Ala Ala Asp Leu Val Gly Leu Leu Lys Glu Val Ala Asp
 130 135 140
 Phe Asp Ile Ser Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys
 145 150 155 160
 Ser Ala Gln Ala Asp Leu Leu Asn Leu Lys Arg Lys Val Asp Ala Gly
 165 170 175
 Ala Asn Arg Ala Ile Thr Gln Phe Phe Phe Asp Val Glu Ser Tyr Leu
 180 185 190
 Arg Phe Arg Asp Arg Cys Val Ser Ala Gly Ile Asp Val Glu Ile Ile
 195 200 205
 Pro Gly Ile Leu Pro Val Ser Asn Phe Lys Gln Ala Lys Lys Phe Ala
 210 215 220
 Asp Met Thr Asn Val Arg Ile Pro Ser Trp Met Ser Leu Met Phe Glu
 225 230 235 240
 Gly Leu Asp Asn Asp Ala Glu Thr Arg Lys Leu Val Gly Ala Asn Ile
 245 250 255
 Ala Met Asp Met Val Lys Ile Leu Ser Arg Glu Gly Val Lys Asp Phe
 260 265 270
 His Phe Tyr Thr Leu Asn Arg Ala Glu Met Ser Tyr Ala Ile Cys His
 275 280 285
 Thr Leu Gly Val Arg Pro Gly Leu
 290 295

<210> 33
 <211> 891
 <212> DNA
 <213> Escherichia coli

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (888)
 <223> REC03839

<400> 33
 atg agc ttt ttt cac gcc agc cag cgg gat gcc ctg aat cag agc ctg 48
 Met Ser Phe Phe His Ala Ser Gln Arg Asp Ala Leu Asn Gln Ser Leu
 1 5 10 15
 gca gaa gtc cag ggg cag att aac gtt tcg ttc gag ttt ttc ccg ccg 96
 Ala Glu Val Gln Gly Gln Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro
 20 25 30
 cgt acc agt gaa atg gag cag acc ctg tgg aac tcc atc gat cgc ctt 144
 Arg Thr Ser Glu Met Glu Gln Thr Leu Trp Asn Ser Ile Asp Arg Leu
 35 40 45
 agc agc ctg aaa ccg aag ttt gta tcg gtg acc tat ggc gcg aac tcc 192
 Ser Ser Leu Lys Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser

50	55	60	
ggc gag cgc gac cgt acg cac agc att att aaa ggc att aaa gat cgc Gly Glu Arg Asp Arg Thr His Ser Ile Ile Lys Gly Ile Lys Asp Arg 65 70 75 80			240
act ggt ctg gaa gcg gca ccg cat ctt act tgc att gat gcg acg ccc Thr Gly Leu Glu Ala Ala Pro His Leu Thr Cys Ile Asp Ala Thr Pro 85 90 95			288
gac gag ctg cgc acc att gca cgc gac tac tgg aat aac ggt att cgt Asp Glu Leu Arg Thr Ile Ala Arg Asp Tyr Trp Asn Asn Gly Ile Arg 100 105 110			336
cat atc gtg gcg ctg cgt ggc gat ctg ccg ccg gga agt ggt aag cca His Ile Val Ala Leu Arg Gly Asp Leu Pro Pro Gly Ser Gly Lys Pro 115 120 125			384
gaa atg tat gct tct gac ctg gtg acg ctg tta aaa gaa gtg gca gat Glu Met Tyr Ala Ser Asp Leu Val Thr Leu Leu Lys Glu Val Ala Asp 130 135 140			432
ttc gat atc tcc gtg gcg gcg tat ccg gaa gtt cac ccg gaa gca aaa Phe Asp Ile Ser Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys 145 150 155 160			480
agc gct cag gcg gat ttg ctt aat ctg aaa cgc aaa gtg gat gcc gga Ser Ala Gln Ala Asp Leu Leu Asn Leu Lys Arg Lys Val Asp Ala Gly 165 170 175			528
gcc aac cgc gcg att act cag ttc ttc ttc gat gtc gaa agc tac ctg Ala Asn Arg Ala Ile Thr Gln Phe Phe Asp Val Glu Ser Tyr Leu 180 185 190			576
cgt ttt cgt gac cgc tgt gta tcg gcg ggc att gat gtg gaa att att Arg Phe Arg Asp Arg Cys Val Ser Ala Gly Ile Asp Val Glu Ile Ile 195 200 205			624
ccg gga att ttg ccg gta tct aac ttt aaa cag gcg aag aaa ttt gcc Pro Gly Ile Leu Pro Val Ser Asn Phe Lys Gln Ala Lys Lys Phe Ala 210 215 220			672
gat atg acc aac gtg cgt att ccg gcg tgg atg gcg caa atg ttc gac Asp Met Thr Asn Val Arg Ile Pro Ala Trp Met Ala Gln Met Phe Asp 225 230 235 240			720
ggt ctg gat gat gat gcc gaa acc cgc aaa ctg gtt ggc gcg aat att Gly Leu Asp Asp Asp Ala Glu Thr Arg Lys Leu Val Gly Ala Asn Ile 245 250 255			768
gcc atg gat atg gtg aag att tta agc cgt gaa gga gtg aaa gat ttc Ala Met Asp Met Val Lys Ile Leu Ser Arg Glu Gly Val Lys Asp Phe 260 265 270			816
cac ttc tat acg ctt aac cgt gct gaa atg agt tac gcg att tgc cat His Phe Tyr Thr Leu Asn Arg Ala Glu Met Ser Tyr Ala Ile Cys His 275 280 285			864
acg ctg ggg gtt cga cct ggt tta taa Thr Leu Gly Val Arg Pro Gly Leu 290 295			891

<210> 34

<211> 296

<212> PRT

<213> Escherichia coli

<400> 34

Met Ser Phe Phe His Ala Ser Gln Arg Asp Ala Leu Asn Gln Ser Leu
 1 5 10 15

Ala Glu Val Gln Gly Gln Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro
 20 25 30

Arg Thr Ser Glu Met Glu Gln Thr Leu Trp Asn Ser Ile Asp Arg Leu
 35 40 45

Ser Ser Leu Lys Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser
 50 55 60

Gly Glu Arg Asp Arg Thr His Ser Ile Ile Lys Gly Ile Lys Asp Arg
 65 70 75 80

Thr Gly Leu Glu Ala Ala Pro His Leu Thr Cys Ile Asp Ala Thr Pro
 85 90 95

Asp Glu Leu Arg Thr Ile Ala Arg Asp Tyr Trp Asn Asn Gly Ile Arg
 100 105 110

His Ile Val Ala Leu Arg Gly Asp Leu Pro Pro Gly Ser Gly Lys Pro
 115 120 125

Glu Met Tyr Ala Ser Asp Leu Val Thr Leu Leu Lys Glu Val Ala Asp
 130 135 140

Phe Asp Ile Ser Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys
 145 150 155 160

Ser Ala Gln Ala Asp Leu Leu Asn Leu Lys Arg Lys Val Asp Ala Gly
 165 170 175

Ala Asn Arg Ala Ile Thr Gln Phe Phe Phe Asp Val Glu Ser Tyr Leu
 180 185 190

Arg Phe Arg Asp Arg Cys Val Ser Ala Gly Ile Asp Val Glu Ile Ile
 195 200 205

Pro Gly Ile Leu Pro Val Ser Asn Phe Lys Gln Ala Lys Lys Phe Ala
 210 215 220

Asp Met Thr Asn Val Arg Ile Pro Ala Trp Met Ala Gln Met Phe Asp
 225 230 235 240

Gly Leu Asp Asp Asp Ala Glu Thr Arg Lys Leu Val Gly Ala Asn Ile
 245 250 255

Ala Met Asp Met Val Lys Ile Leu Ser Arg Glu Gly Val Lys Asp Phe
 260 265 270

His Phe Tyr Thr Leu Asn Arg Ala Glu Met Ser Tyr Ala Ile Cys His
 275 280 285

Thr Leu Gly Val Arg Pro Gly Leu
290 295

<210> 35

<211> 915

<212> DNA

<213> *Vibrio cholerae*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(912)

<223> RVC06433

<400> 35

```

gtg aca ctc ggt cac agg gag tac aag atg gga tac aca cac gct agc 48
Val Thr Leu Gly His Arg Glu Tyr Lys Met Gly Tyr Thr His Ala Ser
  1             5             10             15

cat atc gat gca ttg aac caa aac att gcg gag ctt tcc gac atc aat 96
His Ile Asp Ala Leu Asn Gln Asn Ile Ala Glu Leu Ser Asp Ile Asn
             20             25             30

gtt tcg ttt gag ttt ttt cca ccc agc tca cca caa atg gaa gaa acg 144
Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro Ser Ser Pro Gln Met Glu Glu Thr
             35             40             45

ctt tgg gga tcg gta cac cgt ctg aaa aca ctc caa ccg aaa ttt gtt 192
Leu Trp Gly Ser Val His Arg Leu Lys Thr Leu Gln Pro Lys Phe Val
             50             55             60

tcg gtc act tat ggt gca aac tct ggt gag cgt gac cgt act cac tcg 240
Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser Gly Glu Arg Asp Arg Thr His Ser
             65             70             75             80

atc att aaa gcg atc aaa gat caa acc ggt tta att gcc gcg cca cac 288
Ile Ile Lys Ala Ile Lys Asp Gln Thr Gly Leu Ile Ala Ala Pro His
             85             90             95

ctg act tgt atc gat gcc act cgt gat gaa ctg atc cag atc gcc gat 336
Leu Thr Cys Ile Asp Ala Thr Arg Asp Glu Leu Ile Gln Ile Ala Asp
             100            105            110

gac tac tgg cat aac ggc atc cag aat att gtg gcg ctg cgt ggg gat 384
Asp Tyr Trp His Asn Gly Ile Gln Asn Ile Val Ala Leu Arg Gly Asp
             115            120            125

atc ccg gct ggc ggt ggt aag cca gag atg tac gcc tcc gat cta gtg 432
Ile Pro Ala Gly Gly Gly Lys Pro Glu Met Tyr Ala Ser Asp Leu Val
             130            135            140

acg ctg ctc aaa tca cgc cac gat ttt gat att tcc gtg gcc gcc ttc 480
Thr Leu Leu Lys Ser Arg His Asp Phe Asp Ile Ser Val Ala Ala Phe
             145            150            155            160

cct gaa gtg cac cct gaa gcc aaa agc gcg caa gcg gac ctg ctc aat 528
Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys Ser Ala Gln Ala Asp Leu Leu Asn
             165            170            175

tta aaa cgt aaa gtc gat gca ggt gcg aat cgt gcc atc acg cag ttt 576

```

Leu	Lys	Arg	Lys	Val	Asp	Ala	Gly	Ala	Asn	Arg	Ala	Ile	Thr	Gln	Phe		
			180					185					190				
ttc	ttt	gat	gta	gaa	agc	tac	ctg	cgt	ttt	cgc	gat	cgc	tgt	gtg	gcc	624	
Phe	Phe	Asp	Val	Glu	Ser	Tyr	Leu	Arg	Phe	Arg	Asp	Arg	Cys	Val	Ala		
		195					200					205					
gct	ggg	att	gac	gta	gaa	atc	gtg	cct	ggc	att	ctg	ccg	gtt	tct	aac	672	
Ala	Gly	Ile	Asp	Val	Glu	Ile	Val	Pro	Gly	Ile	Leu	Pro	Val	Ser	Asn		
	210					215					220						
ttt	aaa	caa	gcg	tcg	cgc	ttc	gct	gcg	caa	aac	aac	gtc	aaa	gtt	ccg	720	
Phe	Lys	Gln	Ala	Ser	Arg	Phe	Ala	Ala	Gln	Asn	Asn	Val	Lys	Val	Pro		
225					230					235					240		
aat	tgg	atg	gtg	aag	cag	ttt	gaa	gga	tta	gaa	gac	gat	cca	gtg	act	768	
Asn	Trp	Met	Val	Lys	Gln	Phe	Glu	Gly	Leu	Glu	Asp	Asp	Pro	Val	Thr		
			245						250					255			
cgc	cag	ttg	gta	ggg	gca	agc	caa	gcc	att	gat	atg	gtg	cgc	gtg	ctg	816	
Arg	Gln	Leu	Val	Gly	Ala	Ser	Gln	Ala	Ile	Asp	Met	Val	Arg	Val	Leu		
			260					265					270				
tgc	cgt	gaa	ggg	gtg	aag	gat	ttc	cac	ttc	tac	acc	cta	aat	cgt	gcc	864	
Cys	Arg	Glu	Gly	Val	Lys	Asp	Phe	His	Phe	Tyr	Thr	Leu	Asn	Arg	Ala		
		275					280					285					
gaa	atg	act	tac	gcg	tta	tgc	cac	acc	tta	ggc	gtt	cgc	cca	caa	gct	912	
Glu	Met	Thr	Tyr	Ala	Leu	Cys	His	Thr	Leu	Gly	Val	Arg	Pro	Gln	Ala		
	290					295					300						
taa																915	

<210> 36
 <211> 304
 <212> PRT
 <213> *Vibrio cholerae*

<400> 36
 Val Thr Leu Gly His Arg Glu Tyr Lys Met Gly Tyr Thr His Ala Ser
 1 5 10 15
 His Ile Asp Ala Leu Asn Gln Asn Ile Ala Glu Leu Ser Asp Ile Asn
 20 25 30
 Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro Ser Ser Pro Gln Met Glu Glu Thr
 35 40 45
 Leu Trp Gly Ser Val His Arg Leu Lys Thr Leu Gln Pro Lys Phe Val
 50 55 60
 Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser Gly Glu Arg Asp Arg Thr His Ser
 65 70 75 80
 Ile Ile Lys Ala Ile Lys Asp Gln Thr Gly Leu Ile Ala Ala Pro His
 85 90 95
 Leu Thr Cys Ile Asp Ala Thr Arg Asp Glu Leu Ile Gln Ile Ala Asp
 100 105 110

Asp Tyr Trp His Asn Gly Ile Gln Asn Ile Val Ala Leu Arg Gly Asp
 115 120 125
 Ile Pro Ala Gly Gly Gly Lys Pro Glu Met Tyr Ala Ser Asp Leu Val
 130 135 140
 Thr Leu Leu Lys Ser Arg His Asp Phe Asp Ile Ser Val Ala Ala Phe
 145 150 155 160
 Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys Ser Ala Gln Ala Asp Leu Leu Asn
 165 170 175
 Leu Lys Arg Lys Val Asp Ala Gly Ala Asn Arg Ala Ile Thr Gln Phe
 180 185 190
 Phe Phe Asp Val Glu Ser Tyr Leu Arg Phe Arg Asp Arg Cys Val Ala
 195 200 205
 Ala Gly Ile Asp Val Glu Ile Val Pro Gly Ile Leu Pro Val Ser Asn
 210 215 220
 Phe Lys Gln Ala Ser Arg Phe Ala Ala Gln Asn Asn Val Lys Val Pro
 225 230 235 240
 Asn Trp Met Val Lys Gln Phe Glu Gly Leu Glu Asp Asp Pro Val Thr
 245 250 255
 Arg Gln Leu Val Gly Ala Ser Gln Ala Ile Asp Met Val Arg Val Leu
 260 265 270
 Cys Arg Glu Gly Val Lys Asp Phe His Phe Tyr Thr Leu Asn Arg Ala
 275 280 285
 Glu Met Thr Tyr Ala Leu Cys His Thr Leu Gly Val Arg Pro Gln Ala
 290 295 300

<210> 37
 <211> 879
 <212> DNA
 <213> Haemophilus influenzae

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(876)
 <223> RHI06620

<400> 37
 atg agc tac gcg aaa gaa att gat aca tta aat caa cat att gca gat 48
 Met Ser Tyr Ala Lys Glu Ile Asp Thr Leu Asn Gln His Ile Ala Asp
 1 5 10 15
 ttt aat aaa aaa att aat gtc tcc ttt gaa ttt ttt cca cct aaa aac 96
 Phe Asn Lys Lys Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro Lys Asn
 20 25 30
 gaa aaa atg gaa acc ctt cta tgg gat tca att cat cgt tta aaa gta 144
 Glu Lys Met Glu Thr Leu Leu Trp Asp Ser Ile His Arg Leu Lys Val

35	40	45	
tta aag cct aaa ttt gtg tca gtc act tac ggt gca aat tcg gga gaa	192		
Leu Lys Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser Gly Glu			
50	55	60	
cgt gac cgc act cac ggc att gtg aaa gcc att aaa caa gaa act ggc	240		
Arg Asp Arg Thr His Gly Ile Val Lys Ala Ile Lys Gln Glu Thr Gly			
65	70	75	80
tta gaa gcc gca cca cat tta act gga att gat gcc aca cct gaa gaa	288		
Leu Glu Ala Ala Pro His Leu Thr Gly Ile Asp Ala Thr Pro Glu Glu			
85	90	95	
tta aaa caa att gcg aga gat tat tgg gat agt ggt att cgc cgt att	336		
Leu Lys Gln Ile Ala Arg Asp Tyr Trp Asp Ser Gly Ile Arg Arg Ile			
100	105	110	
gtt gcg tta cgc ggt gac gaa cct aaa ggt tac gcg aaa aaa cca ttt	384		
Val Ala Leu Arg Gly Asp Glu Pro Lys Gly Tyr Ala Lys Lys Pro Phe			
115	120	125	
tat gcg tca gat ctt gtg gaa tta ctc cgt tct gtc gct gat ttt gat	432		
Tyr Ala Ser Asp Leu Val Glu Leu Leu Arg Ser Val Ala Asp Phe Asp			
130	135	140	
att tct gta gcc gct tat ccc gaa gtt cat cca gaa gca aaa tcc gca	480		
Ile Ser Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys Ser Ala			
145	150	155	160
caa gca gac tta att aat tta aaa cgt aaa att gat gca ggt gca aac	528		
Gln Ala Asp Leu Ile Asn Leu Lys Arg Lys Ile Asp Ala Gly Ala Asn			
165	170	175	
cac gtc att aca caa ttt ttc ttt gat att gaa aac tac cta cgt ttt	576		
His Val Ile Thr Gln Phe Phe Phe Asp Ile Glu Asn Tyr Leu Arg Phe			
180	185	190	
cgt gat cgt tgt gca tca att ggt att gat act gaa atc gta ccc ggt	624		
Arg Asp Arg Cys Ala Ser Ile Gly Ile Asp Thr Glu Ile Val Pro Gly			
195	200	205	
att tta cct gtt act aat ttt aaa caa ctc caa aaa atg gca tca ttc	672		
Ile Leu Pro Val Thr Asn Phe Lys Gln Leu Gln Lys Met Ala Ser Phe			
210	215	220	
act aat gtg aaa att cca gcg tgg tta gtt aaa gcc tat gat ggt ttg	720		
Thr Asn Val Lys Ile Pro Ala Trp Leu Val Lys Ala Tyr Asp Gly Leu			
225	230	235	240
gat aat gat cca act aca cgt aat ctt gtg gca gca agt gtt gca atg	768		
Asp Asn Asp Pro Thr Thr Arg Asn Leu Val Ala Ala Ser Val Ala Met			
245	250	255	
gat atg gta aaa att tta tct cgc gaa ggc gtg aat gac ttc cac ttt	816		
Asp Met Val Lys Ile Leu Ser Arg Glu Gly Val Asn Asp Phe His Phe			
260	265	270	
tat aca tta aat cgt agt gaa tta act tat gct atc tgt cat atg tta	864		
Tyr Thr Leu Asn Arg Ser Glu Leu Thr Tyr Ala Ile Cys His Met Leu			
275	280	285	

ggt gta aga cct taa
 Gly Val Arg Pro
 290

879

<210> 38
 <211> 292
 <212> PRT
 <213> Haemophilus influenzae

<400> 38
 Met Ser Tyr Ala Lys Glu Ile Asp Thr Leu Asn Gln His Ile Ala Asp
 1 5 10 15

Phe Asn Lys Lys Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro Lys Asn
 20 25 30

Glu Lys Met Glu Thr Leu Leu Trp Asp Ser Ile His Arg Leu Lys Val
 35 40 45

Leu Lys Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser Gly Glu
 50 55 60

Arg Asp Arg Thr His Gly Ile Val Lys Ala Ile Lys Gln Glu Thr Gly
 65 70 75 80

Leu Glu Ala Ala Pro His Leu Thr Gly Ile Asp Ala Thr Pro Glu Glu
 85 90 95

Leu Lys Gln Ile Ala Arg Asp Tyr Trp Asp Ser Gly Ile Arg Arg Ile
 100 105 110

Val Ala Leu Arg Gly Asp Glu Pro Lys Gly Tyr Ala Lys Lys Pro Phe
 115 120 125

Tyr Ala Ser Asp Leu Val Glu Leu Leu Arg Ser Val Ala Asp Phe Asp
 130 135 140

Ile Ser Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys Ser Ala
 145 150 155 160

Gln Ala Asp Leu Ile Asn Leu Lys Arg Lys Ile Asp Ala Gly Ala Asn
 165 170 175

His Val Ile Thr Gln Phe Phe Phe Asp Ile Glu Asn Tyr Leu Arg Phe
 180 185 190

Arg Asp Arg Cys Ala Ser Ile Gly Ile Asp Thr Glu Ile Val Pro Gly
 195 200 205

Ile Leu Pro Val Thr Asn Phe Lys Gln Leu Gln Lys Met Ala Ser Phe
 210 215 220

Thr Asn Val Lys Ile Pro Ala Trp Leu Val Lys Ala Tyr Asp Gly Leu
 225 230 235 240

Asp Asn Asp Pro Thr Thr Arg Asn Leu Val Ala Ala Ser Val Ala Met
 245 250 255

Asp Met Val Lys Ile Leu Ser Arg Glu Gly Val Asn Asp Phe His Phe
260 265 270

Tyr Thr Leu Asn Arg Ser Glu Leu Thr Tyr Ala Ile Cys His Met Leu
275 280 285

Gly Val Arg Pro
290

<210> 39

<211> 945

<212> DNA

<213> *Caulobacter crescentus*

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (942)

<223> RCO02274

<400> 39

atg	acc	ctt	ccg	ccc	acc	cgc	cgc	gtg	atc	ggg	ccc	gtc	gcc	cga	gcc	48
Met	Thr	Leu	Pro	Pro	Thr	Arg	Arg	Val	Ile	Gly	Pro	Val	Ala	Arg	Ala	
1				5				10					15			

ggc	gag	cgg	acc	ggc	cgt	ccg	cgc	gtg	tcg	ttc	gag	ttc	ttc	ccg	ccc	96
Gly	Glu	Arg	Thr	Gly	Arg	Pro	Arg	Val	Ser	Phe	Glu	Phe	Phe	Pro	Pro	
			20					25					30			

aag	act	ccg	cag	atg	gaa	gag	agc	ctg	tgg	cag	gcg	atc	aca	cgc	ctg	144
Lys	Thr	Pro	Gln	Met	Glu	Glu	Ser	Leu	Trp	Gln	Ala	Ile	Thr	Arg	Leu	
		35					40					45				

gcg	ccg	ctg	gat	ccg	gcc	ttc	gtc	tcg	gtg	acc	tat	ggc	gcg	ggc	ggc	192
Ala	Pro	Leu	Asp	Pro	Ala	Phe	Val	Ser	Val	Thr	Tyr	Gly	Ala	Gly	Gly	
	50					55					60					

tcc	acc	cgc	gag	cgc	acc	cac	cgc	acc	gtc	aag	cgg	atc	ctg	gac	gag	240
Ser	Thr	Arg	Glu	Arg	Thr	His	Arg	Thr	Val	Lys	Arg	Ile	Leu	Asp	Glu	
65					70					75					80	

acc	agc	ctc	aag	ccc	gcc	gcg	cac	ctg	acc	tgc	gtc	ggc	gcc	agt	cgc	288
Thr	Ser	Leu	Lys	Pro	Ala	Ala	His	Leu	Thr	Cys	Val	Gly	Ala	Ser	Arg	
				85					90					95		

gaa	gag	gtc	gat	gag	gtc	att	cgc	gag	tac	tgg	gag	acc	ggg	gtc	cgt	336
Glu	Glu	Val	Asp	Glu	Val	Ile	Arg	Glu	Tyr	Trp	Glu	Thr	Gly	Val	Arg	
		100						105					110			

cac	atc	gtt	tcg	ctg	cgg	ggc	gat	ccg	ccg	ccc	ggc	gag	ggc	ggc	atc	384
His	Ile	Val	Ser	Leu	Arg	Gly	Asp	Pro	Pro	Pro	Gly	Glu	Gly	Gly	Ile	
		115					120					125				

ggc	ggg	gtc	tat	gtg	ccg	cgc	gcc	gac	ggc	tac	gcc	aac	gcc	aca	gag	432
Gly	Gly	Val	Tyr	Val	Pro	Arg	Ala	Asp	Gly	Tyr	Ala	Asn	Ala	Thr	Glu	
		130				135					140					

ttg	acc	aag	gcc	gtg	cgc	gcg	atc	gcg	ccg	ttc	gag	gtg	ctg	gtc	ggg	480
Leu	Thr	Lys	Ala	Val	Arg	Ala	Ile	Ala	Pro	Phe	Glu	Val	Leu	Val	Gly	
145					150					155					160	

gtc tat ccc gag aag cat ccc gag agc ccc tcg ttg gag cac gac atc 528
 Val Tyr Pro Glu Lys His Pro Glu Ser Pro Ser Leu Glu His Asp Ile
 165 170 175
 gac gtc ttg aag cag aag gtc gac gcc ggc gcg acg ctg ggg atc agc 576
 Asp Val Leu Lys Gln Lys Val Asp Ala Gly Ala Thr Leu Gly Ile Ser
 180 185 190
 cag ttc ttc ttc gac ctc gac gcc ttc ctg cgc ttc gtc gac aag gtg 624
 Gln Phe Phe Phe Asp Leu Asp Ala Phe Leu Arg Phe Val Asp Lys Val
 195 200 205
 cgc gcg gcg ggc atc acc att ccg atc gtg ccg ggg atc atg ccg gtg 672
 Arg Ala Ala Gly Ile Thr Ile Pro Ile Val Pro Gly Ile Met Pro Val
 210 215 220
 acc aat ttc gcg ggc ttg aag aag atg gcc gcc gcc tgc cag acg gcc 720
 Thr Asn Phe Ala Gly Leu Lys Lys Met Ala Ala Ala Cys Gln Thr Ala
 225 230 235 240
 atc ccg tcc tgg ctg ggg aac ctg ttc gac ggc ctg gag aac gac gcg 768
 Ile Pro Ser Trp Leu Gly Asn Leu Phe Asp Gly Leu Glu Asn Asp Ala
 245 250 255
 gag acc cgc cgc ctg atc gcc tgt tcg gtg gcc gcc gag atg tgc gcc 816
 Glu Thr Arg Arg Leu Ile Ala Cys Ser Val Ala Ala Glu Met Cys Ala
 260 265 270
 aag ctg cag gaa cag ggt ttc gag gac ttc cac ttc tac acc ctg aac 864
 Lys Leu Gln Glu Gln Gly Phe Glu Asp Phe His Phe Tyr Thr Leu Asn
 275 280 285
 cgg gcc gat ctc gtt tac gcc atc tgc cgt gtg ctg ggc gtg cgc gag 912
 Arg Ala Asp Leu Val Tyr Ala Ile Cys Arg Val Leu Gly Val Arg Glu
 290 295 300
 atc tcg ccc gcc gct tcg gag gtc gcc gca tga 945
 Ile Ser Pro Ala Ala Ser Glu Val Ala Ala
 305 310

<210> 40

<211> 314

<212> PRT

<213> *Caulobacter crescentus*

<400> 40

Met Thr Leu Pro Pro Thr Arg Arg Val Ile Gly Pro Val Ala Arg Ala
 1 5 10 15
 Gly Glu Arg Thr Gly Arg Pro Arg Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro
 20 25 30
 Lys Thr Pro Gln Met Glu Glu Ser Leu Trp Gln Ala Ile Thr Arg Leu
 35 40 45
 Ala Pro Leu Asp Pro Ala Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Gly Gly
 50 55 60
 Ser Thr Arg Glu Arg Thr His Arg Thr Val Lys Arg Ile Leu Asp Glu
 65 70 75 80

Thr Ser Leu Lys Pro Ala Ala His Leu Thr Cys Val Gly Ala Ser Arg
 85 90 95
 Glu Glu Val Asp Glu Val Ile Arg Glu Tyr Trp Glu Thr Gly Val Arg
 100 105 110
 His Ile Val Ser Leu Arg Gly Asp Pro Pro Pro Gly Glu Gly Gly Ile
 115 120 125
 Gly Gly Val Tyr Val Pro Arg Ala Asp Gly Tyr Ala Asn Ala Thr Glu
 130 135 140
 Leu Thr Lys Ala Val Arg Ala Ile Ala Pro Phe Glu Val Leu Val Gly
 145 150 155 160
 Val Tyr Pro Glu Lys His Pro Glu Ser Pro Ser Leu Glu His Asp Ile
 165 170 175
 Asp Val Leu Lys Gln Lys Val Asp Ala Gly Ala Thr Leu Gly Ile Ser
 180 185 190
 Gln Phe Phe Phe Asp Leu Asp Ala Phe Leu Arg Phe Val Asp Lys Val
 195 200 205
 Arg Ala Ala Gly Ile Thr Ile Pro Ile Val Pro Gly Ile Met Pro Val
 210 215 220
 Thr Asn Phe Ala Gly Leu Lys Lys Met Ala Ala Ala Cys Gln Thr Ala
 225 230 235 240
 Ile Pro Ser Trp Leu Gly Asn Leu Phe Asp Gly Leu Glu Asn Asp Ala
 245 250 255
 Glu Thr Arg Arg Leu Ile Ala Cys Ser Val Ala Ala Glu Met Cys Ala
 260 265 270
 Lys Leu Gln Glu Gln Gly Phe Glu Asp Phe His Phe Tyr Thr Leu Asn
 275 280 285
 Arg Ala Asp Leu Val Tyr Ala Ile Cys Arg Val Leu Gly Val Arg Glu
 290 295 300
 Ile Ser Pro Ala Ala Ser Glu Val Ala Ala
 305 310

<210> 41
 <211> 885
 <212> DNA
 <213> Actinobacillus actinomycetemcomitans

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (882)
 <223> RAB00260

<400> 41
 atg agt tac gca aaa gaa att gat aat cta aat caa cat tta gct gat 48
 Met Ser Tyr Ala Lys Glu Ile Asp Asn Leu Asn Gln His Leu Ala Asp

1	5	10	15	
tta aac ggc aaa att aat gtc tct ttt gaa ttt ttc ccg ccg aaa agt				96
Leu Asn Gly Lys Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro Lys Ser	20	25	30	
gaa aaa atg gaa aat ctt ctg tgg gaa tcc atc cat cgc tta aaa gtg				144
Glu Lys Met Glu Asn Leu Leu Trp Glu Ser Ile His Arg Leu Lys Val	35	40	45	
cta aaa ccg aaa ttt gta tcc gtg act tac ggc gcc aat tcc ggc gag				192
Leu Lys Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser Gly Glu	50	55	60	
cgt gaa cgc act cac ggg gtg gtg aaa cgc att aag cag gaa acc ggt				240
Arg Glu Arg Thr His Gly Val Val Lys Arg Ile Lys Gln Glu Thr Gly	65	70	75	80
ctg gaa gct gcg ccg cat tta acc ggt att gac gct acc tcg gac gaa				288
Leu Glu Ala Ala Pro His Leu Thr Gly Ile Asp Ala Thr Ser Asp Glu	85	90	95	
ttg cgt cgc att gcc aaa ggt tat tgg gat agc ggc att cgt cgc att				336
Leu Arg Arg Ile Ala Lys Gly Tyr Trp Asp Ser Gly Ile Arg Arg Ile	100	105	110	
gtg gca ctg cgc ggt gac gag ccg aaa ggc tac gag aaa aaa cca ttt				384
Val Ala Leu Arg Gly Asp Glu Pro Lys Gly Tyr Glu Lys Lys Pro Phe	115	120	125	
tat gcc gcc gat tta gta gca tta tta cgt gac gta tca gat ttt gat				432
Tyr Ala Ala Asp Leu Val Ala Leu Leu Arg Asp Val Ser Asp Phe Asp	130	135	140	
att tcc gtg gcg gca tac cct gag gtt cat ccg gaa gcc aaa tcg gcg				480
Ile Ser Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys Ser Ala	145	150	155	160
caa gcg gat tta att aat tta aaa cgt aaa att gat gcc ggt gcc aat				528
Gln Ala Asp Leu Ile Asn Leu Lys Arg Lys Ile Asp Ala Gly Ala Asn	165	170	175	
cat gtg atc aca caa ttc ttt ttc gat att gac agc tat ctg cgg ttc				576
His Val Ile Thr Gln Phe Phe Phe Asp Ile Asp Ser Tyr Leu Arg Phe	180	185	190	
cgc gat cgc tgc gcg tct atc ggt att gat gca gaa atc gtg ccg ggg				624
Arg Asp Arg Cys Ala Ser Ile Gly Ile Asp Ala Glu Ile Val Pro Gly	195	200	205	
att ctg ccg gtg acc aac ttc aaa caa tta caa aaa atg gca gca atc				672
Ile Leu Pro Val Thr Asn Phe Lys Gln Leu Gln Lys Met Ala Ala Ile	210	215	220	
act aat gtg aaa att cca gct tgg atg agc aaa atg tat gaa ggc ttg				720
Thr Asn Val Lys Ile Pro Ala Trp Met Ser Lys Met Tyr Glu Gly Leu	225	230	235	240
gat gat gac caa acc acc cgc aat ctg gtg gcg gcg agc atc gcc atg				768
Asp Asp Asp Gln Thr Thr Arg Asn Leu Val Ala Ala Ser Ile Ala Met	245	250	255	

gac atg gtg cgt gta ctg tcc cgc gaa ggg gta aaa gac ttt cat ttc 816
 Asp Met Val Arg Val Leu Ser Arg Glu Gly Val Lys Asp Phe His Phe
 260 265 270

tac acc ctg aat cgc agt gaa ctc acc tat gct att tgc cac acg tta 864
 Tyr Thr Leu Asn Arg Ser Glu Leu Thr Tyr Ala Ile Cys His Thr Leu
 275 280 285

ggc att cgt ccg agt ttg taa 885
 Gly Ile Arg Pro Ser Leu
 290

<210> 42

<211> 294

<212> PRT

<213> Actinobacillus actinomycetemcomitans

<400> 42

Met Ser Tyr Ala Lys Glu Ile Asp Asn Leu Asn Gln His Leu Ala Asp
 1 5 10 15

Leu Asn Gly Lys Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro Lys Ser
 20 25 30

Glu Lys Met Glu Asn Leu Leu Trp Glu Ser Ile His Arg Leu Lys Val
 35 40 45

Leu Lys Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser Gly Glu
 50 55 60

Arg Glu Arg Thr His Gly Val Val Lys Arg Ile Lys Gln Glu Thr Gly
 65 70 75 80

Leu Glu Ala Ala Pro His Leu Thr Gly Ile Asp Ala Thr Ser Asp Glu
 85 90 95

Leu Arg Arg Ile Ala Lys Gly Tyr Trp Asp Ser Gly Ile Arg Arg Ile
 100 105 110

Val Ala Leu Arg Gly Asp Glu Pro Lys Gly Tyr Glu Lys Lys Pro Phe
 115 120 125

Tyr Ala Ala Asp Leu Val Ala Leu Leu Arg Asp Val Ser Asp Phe Asp
 130 135 140

Ile Ser Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys Ser Ala
 145 150 155 160

Gln Ala Asp Leu Ile Asn Leu Lys Arg Lys Ile Asp Ala Gly Ala Asn
 165 170 175

His Val Ile Thr Gln Phe Phe Phe Asp Ile Asp Ser Tyr Leu Arg Phe
 180 185 190

Arg Asp Arg Cys Ala Ser Ile Gly Ile Asp Ala Glu Ile Val Pro Gly
 195 200 205

Ile Leu Pro Val Thr Asn Phe Lys Gln Leu Gln Lys Met Ala Ala Ile
 210 215 220

Thr Asn Val Lys Ile Pro Ala Trp Met Ser Lys Met Tyr Glu Gly Leu
 225 230 235 240
 Asp Asp Asp Gln Thr Thr Arg Asn Leu Val Ala Ala Ser Ile Ala Met
 245 250 255
 Asp Met Val Arg Val Leu Ser Arg Glu Gly Val Lys Asp Phe His Phe
 260 265 270
 Tyr Thr Leu Asn Arg Ser Glu Leu Thr Tyr Ala Ile Cys His Thr Leu
 275 280 285
 Gly Ile Arg Pro Ser Leu
 290

<210> 43
 <211> 867
 <212> DNA
 <213> Rhodobacter

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (864)
 <223> RRC03981

<400> 43
 atg acc acg ccg cat gtc agc ttt gaa ttc ttc ccg ccg cag acg ctc 48
 Met Thr Thr Pro His Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro Gln Thr Leu
 1 5 10 15
 gac gcc tcg ttc cgg ctg tgg gag acg gcg cag gtt ctg gcg ccg ctc 96
 Asp Ala Ser Phe Arg Leu Trp Glu Thr Ala Gln Val Leu Ala Pro Leu
 20 25 30
 aag ccc ggc ttc gtc tcg gtc acc tat ggc gcg ggc ggc acc acc cgc 144
 Lys Pro Gly Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Gly Gly Thr Thr Arg
 35 40 45
 aag ctg acg cat gag gcc gtg gcg gcg atc cac aag aat tac ggc ctg 192
 Lys Leu Thr His Glu Ala Val Ala Ala Ile His Lys Asn Tyr Gly Leu
 50 55 60
 aac gtc gcc gcg cat ctg acc tgc gtc gat gcg acc ccg gcc gaa acg 240
 Asn Val Ala Ala His Leu Thr Cys Val Asp Ala Thr Arg Ala Glu Thr
 65 70 75 80
 caa gag atc atc gac gcc tat gcc gag gct ggc gtc acc gag att gtc 288
 Gln Glu Ile Ile Asp Ala Tyr Ala Glu Ala Gly Val Thr Glu Ile Val
 85 90 95
 gcg ctg cgc ggt gat ccg ccg aaa ggc gcc gcc cgc ttc acg ccg cat 336
 Ala Leu Arg Gly Asp Pro Pro Lys Gly Ala Ala Arg Phe Thr Pro His
 100 105 110
 ccg gac ggg ttt gcc tcc tcg gtg gac ctc atc gaa tgg ctg gcg ccg 384
 Pro Asp Gly Phe Ala Ser Ser Val Asp Leu Ile Glu Trp Leu Ala Arg
 115 120 125
 gac ggc cgc ttc acg ctg cgc tgc ggc gcc tat ccg gaa ccg cat ccg 432

Asp	Gly	Arg	Phe	Thr	Leu	Arg	Cys	Gly	Ala	Tyr	Pro	Glu	Pro	His	Pro		
130						135					140						
gaa	gcc	gcc	gac	acg	ctg	gcc	gac	gtg	cgc	tgg	ctg	aaa	cgc	aaa	tgc	480	
Glu	Ala	Ala	Asp	Thr	Leu	Ala	Asp	Val	Arg	Trp	Leu	Lys	Arg	Lys	Cys		
145					150					155					160		
gag	gcg	ggg	gcg	acc	tcg	gcg	atc	acg	caa	ttc	ttc	ttt	gaa	gcc	gag	528	
Glu	Ala	Gly	Ala	Thr	Ser	Ala	Ile	Thr	Gln	Phe	Phe	Phe	Glu	Ala	Glu		
				165					170					175			
acc	ttc	ttc	cgc	ttc	cgc	gac	gcc	tgc	gtg	aag	gaa	ggg	atc	acc	gcc	576	
Thr	Phe	Phe	Arg	Phe	Arg	Asp	Ala	Cys	Val	Lys	Glu	Gly	Ile	Thr	Ala		
			180					185					190				
aag	atc	atc	ccg	ggc	atc	ctg	ccg	atc	cag	tcc	tgg	aaa	ggc	gcc	aag	624	
Lys	Ile	Ile	Pro	Gly	Ile	Leu	Pro	Ile	Gln	Ser	Trp	Lys	Gly	Ala	Lys		
		195					200					205					
agc	ttt	gcg	cag	cgc	tgc	ggc	acc	tcg	atc	ccg	acc	tgg	gtc	gaa	gag	672	
Ser	Phe	Ala	Gln	Arg	Cys	Gly	Thr	Ser	Ile	Pro	Thr	Trp	Val	Glu	Glu		
	210					215					220						
gcc	ttt	gac	cat	gcg	atc	cgc	gac	gac	cgc	gaa	cag	ctg	ctg	gcc	acg	720	
Ala	Phe	Asp	His	Ala	Ile	Arg	Asp	Asp	Arg	Glu	Gln	Leu	Leu	Ala	Thr		
225					230					235					240		
gcg	ctg	tgc	acg	gag	ctc	tgc	gac	aac	ctg	atc	gcg	ggc	ggg	gtg	gag	768	
Ala	Leu	Cys	Thr	Glu	Leu	Cys	Asp	Asn	Leu	Ile	Ala	Gly	Gly	Val	Glu		
				245					250					255			
gat	ctg	cat	ttc	tac	acg	ctg	aac	cgg	ccg	cag	atg	acc	cgc	gat	gtc	816	
Asp	Leu	His	Phe	Tyr	Thr	Leu	Asn	Arg	Pro	Gln	Met	Thr	Arg	Asp	Val		
			260					265					270				
tgc	cat	gcg	ctg	ggc	gtc	aac	ccg	ggt	gtg	gtg	ctg	gaa	aac	gtc	gcc	864	
Cys	His	Ala	Leu	Gly	Val	Asn	Pro	Gly	Val	Val	Leu	Glu	Asn	Val	Ala		
		275					280					285					
tga																867	

<210> 44
 <211> 288
 <212> PRT
 <213> Rhodobacter

<400> 44
 Met Thr Thr Pro His Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro Gln Thr Leu
 1 5 10 15
 Asp Ala Ser Phe Arg Leu Trp Glu Thr Ala Gln Val Leu Ala Pro Leu
 20 25 30
 Lys Pro Gly Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Gly Gly Thr Thr Arg
 35 40 45
 Lys Leu Thr His Glu Ala Val Ala Ala Ile His Lys Asn Tyr Gly Leu
 50 55 60
 Asn Val Ala Ala His Leu Thr Cys Val Asp Ala Thr Arg Ala Glu Thr

60

65	70	75	80
Gln Glu Ile Ile Asp 85	Ala Tyr Ala Glu 90	Ala Gly Val Thr Glu 95	Ile Val
Ala Leu Arg Gly Asp 100	Pro Pro Lys Gly 105	Ala Ala Arg Phe Thr 110	Pro His
Pro Asp Gly Phe Ala 115	Ser Ser Val Asp 120	Leu Ile Glu Trp 125	Leu Ala Arg
Asp Gly Arg Phe Thr 130	Leu Arg Cys Gly 135	Ala Tyr Pro Glu 140	Pro His Pro
Glu Ala Ala Asp Thr 145	Leu Ala Asp Val 150	Arg Trp Leu Lys 155	Arg Lys Cys
Glu Ala Gly Ala Thr 165	Ser Ala Ile Thr 170	Gln Phe Phe Phe 175	Glu Ala Glu
Thr Phe Phe Arg Phe 180	Arg Asp Ala Cys 185	Val Lys Glu Gly 190	Ile Thr Ala
Lys Ile Ile Pro Gly 195	Ile Leu Pro Ile 200	Gln Ser Trp Lys 205	Gly Ala Lys
Ser Phe Ala Gln Arg 210	Cys Gly Thr Ser 215	Ile Pro Thr Trp 220	Val Glu Glu
Ala Phe Asp His Ala 225	Ile Arg Asp Asp 230	Arg Glu Gln Leu 235	Leu Ala Thr
Ala Leu Cys Thr Glu 245	Leu Cys Asp Asn 250	Leu Ile Ala Gly 255	Gly Val Glu
Asp Leu His Phe Tyr 260	Thr Leu Asn Arg 265	Pro Gln Met Thr 270	Arg Asp Val
Cys His Ala Leu Gly 275	Val Asn Pro Gly 280	Val Val Leu Glu 285	Asn Val Ala

<210> 45

<211> 879

<212> DNA

<213> Neisseria meningitidis ser. A

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (876)

<223> RNM00812

<400> 45

atg aat tac gca aaa gaa atc aat gcg tta aat aac agc ctt tcc gat	48
Met Asn Tyr Ala Lys Glu Ile Asn Ala Leu Asn Asn Ser Leu Ser Asp	
1 5 10 15	

ttg aaa ggc gac atc aac gtt tcg ttt gaa ttt ttt cca ccg aaa aac	96
---	----

Leu	Lys	Gly	Asp	Ile	Asn	Val	Ser	Phe	Glu	Phe	Phe	Pro	Pro	Lys	Asn	
			20					25					30			
gag	caa	atg	gaa	acg	atg	ctg	tgg	gat	tcc	atc	cac	cgt	ctg	caa	acc	144
Glu	Gln	Met	Glu	Thr	Met	Leu	Trp	Asp	Ser	Ile	His	Arg	Leu	Gln	Thr	
		35					40					45				
ctg	cat	ccc	aag	ttc	gta	tcc	gta	acc	tac	ggc	gca	aac	tcc	ggc	gaa	192
Leu	His	Pro	Lys	Phe	Val	Ser	Val	Thr	Tyr	Gly	Ala	Asn	Ser	Gly	Glu	
	50					55					60					
cgc	gac	cgc	acg	cac	ggc	atc	gtc	aaa	cgc	atc	aaa	cag	gaa	acc	ggc	240
Arg	Asp	Arg	Thr	His	Gly	Ile	Val	Lys	Arg	Ile	Lys	Gln	Glu	Thr	Gly	
65					70					75					80	
ttg	gaa	gca	gca	ccg	cac	ctg	acc	ggc	atc	gac	gca	tcc	ccc	gac	gaa	288
Leu	Glu	Ala	Ala	Pro	His	Leu	Thr	Gly	Ile	Asp	Ala	Ser	Pro	Asp	Glu	
				85					90					95		
ttg	cgc	caa	atc	gcc	aaa	gac	tat	tgg	gac	agc	ggc	atc	cgc	cgc	att	336
Leu	Arg	Gln	Ile	Ala	Lys	Asp	Tyr	Trp	Asp	Ser	Gly	Ile	Arg	Arg	Ile	
		100						105					110			
gtc	gcc	ctg	cgt	ggc	gac	gag	ccg	ccc	ggc	tat	gag	aaa	aaa	ccg	ttt	384
Val	Ala	Leu	Arg	Gly	Asp	Glu	Pro	Pro	Gly	Tyr	Glu	Lys	Lys	Pro	Phe	
		115					120					125				
tac	gcc	gaa	gac	ttg	gtt	aag	cta	tta	cgc	tcc	gtc	gcc	gac	ttc	gac	432
Tyr	Ala	Glu	Asp	Leu	Val	Lys	Leu	Leu	Arg	Ser	Val	Ala	Asp	Phe	Asp	
	130					135					140					
atc	tct	gtg	gcg	gca	tat	ccc	gaa	gtg	cat	ccc	gaa	gcc	aaa	tcc	gca	480
Ile	Ser	Val	Ala	Ala	Tyr	Pro	Glu	Val	His	Pro	Glu	Ala	Lys	Ser	Ala	
145					150					155					160	
caa	gcc	gat	ctg	att	aat	ctg	aag	cgc	aaa	atc	gat	gcg	ggc	gca	aac	528
Gln	Ala	Asp	Leu	Ile	Asn	Leu	Lys	Arg	Lys	Ile	Asp	Ala	Gly	Ala	Asn	
				165					170					175		
cac	gtc	atc	acc	caa	ttt	ttc	ttt	gac	gta	gaa	cgc	tac	ctg	cgc	ttc	576
His	Val	Ile	Thr	Gln	Phe	Phe	Phe	Asp	Val	Glu	Arg	Tyr	Leu	Arg	Phe	
			180					185					190			
cgc	gac	cgc	tgc	gtg	atg	ttg	ggc	atc	gat	gtg	gaa	atc	gtc	cct	ggc	624
Arg	Asp	Arg	Cys	Val	Met	Leu	Gly	Ile	Asp	Val	Glu	Ile	Val	Pro	Gly	
		195					200					205				
att	ttg	cct	gtt	acc	aac	ttc	aag	cag	ctc	ggc	aaa	atg	gcg	caa	gta	672
Ile	Leu	Pro	Val	Thr	Asn	Phe	Lys	Gln	Leu	Gly	Lys	Met	Ala	Gln	Val	
	210					215					220					
acc	aac	gtc	aaa	atc	cca	agc	tgg	ctg	tcg	caa	atg	tat	gaa	ggc	ttg	720
Thr	Asn	Val	Lys	Ile	Pro	Ser	Trp	Leu	Ser	Gln	Met	Tyr	Glu	Gly	Leu	
225					230					235					240	
gac	gac	gac	caa	ggc	acg	cgc	aac	ctc	gtc	gcc	gcc	agt	atc	gcc	atc	768
Asp	Asp	Asp	Gln	Gly	Thr	Arg	Asn	Leu	Val	Ala	Ala	Ser	Ile	Ala	Ile	
				245					250					255		
gat	atg	gtc	aaa	gtc	ctg	tcc	cgc	gaa	ggc	gtg	aaa	gat	ttc	cac	ttc	816
Asp	Met	Val	Lys	Val	Leu	Ser	Arg	Glu	Gly	Val	Lys	Asp	Phe	His	Phe	

260	265	270	
tac acg ctc aac cgc agc gag ctg act tac gcc atc tgc cat att tta			864
Tyr Thr Leu Asn Arg Ser Glu Leu Thr Tyr Ala Ile Cys His Ile Leu			
275	280	285	
ggc gtg cgc cct taa			879
Gly Val Arg Pro			
290			
<210> 46			
<211> 292			
<212> PRT			
<213> Neisseria meningitidis ser. A			
<400> 46			
Met Asn Tyr Ala Lys Glu Ile Asn Ala Leu Asn Asn Ser Leu Ser Asp			
1	5	10	15
Leu Lys Gly Asp Ile Asn Val Ser Phe Glu Phe Phe Pro Pro Lys Asn			
20	25	30	
Glu Gln Met Glu Thr Met Leu Trp Asp Ser Ile His Arg Leu Gln Thr			
35	40	45	
Leu His Pro Lys Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Asn Ser Gly Glu			
50	55	60	
Arg Asp Arg Thr His Gly Ile Val Lys Arg Ile Lys Gln Glu Thr Gly			
65	70	75	80
Leu Glu Ala Ala Pro His Leu Thr Gly Ile Asp Ala Ser Pro Asp Glu			
85	90	95	
Leu Arg Gln Ile Ala Lys Asp Tyr Trp Asp Ser Gly Ile Arg Arg Ile			
100	105	110	
Val Ala Leu Arg Gly Asp Glu Pro Pro Gly Tyr Glu Lys Lys Pro Phe			
115	120	125	
Tyr Ala Glu Asp Leu Val Lys Leu Leu Arg Ser Val Ala Asp Phe Asp			
130	135	140	
Ile Ser Val Ala Ala Tyr Pro Glu Val His Pro Glu Ala Lys Ser Ala			
145	150	155	160
Gln Ala Asp Leu Ile Asn Leu Lys Arg Lys Ile Asp Ala Gly Ala Asn			
165	170	175	
His Val Ile Thr Gln Phe Phe Phe Asp Val Glu Arg Tyr Leu Arg Phe			
180	185	190	
Arg Asp Arg Cys Val Met Leu Gly Ile Asp Val Glu Ile Val Pro Gly			
195	200	205	
Ile Leu Pro Val Thr Asn Phe Lys Gln Leu Gly Lys Met Ala Gln Val			
210	215	220	
Thr Asn Val Lys Ile Pro Ser Trp Leu Ser Gln Met Tyr Glu Gly Leu			
225	230	235	240

atc gag gat ata cac cat ctt aaa act aag gta aat gca gga aca gat 480
 Ile Glu Asp Ile His His Leu Lys Thr Lys Val Asn Ala Gly Thr Asp
 145 150 155 160

aag ctc att act caa ctt ttt tac gat aat gaa gat ttt tat act ttt 528
 Lys Leu Ile Thr Gln Leu Phe Tyr Asp Asn Glu Asp Phe Tyr Thr Phe
 165 170 175

aaa caa aat tgt gct tta gca gat att gac ata cct att tac gca ggt 576
 Lys Gln Asn Cys Ala Leu Ala Asp Ile Asp Ile Pro Ile Tyr Ala Gly
 180 185 190

att atg cct att act aac aaa aga cag gtt tta aaa att tct caa ctt 624
 Ile Met Pro Ile Thr Asn Lys Arg Gln Val Leu Lys Ile Ser Gln Leu
 195 200 205

tgc gga gct aaa atc cct cct aaa ttt gtt aaa att tta gaa aaa tat 672
 Cys Gly Ala Lys Ile Pro Pro Lys Phe Val Lys Ile Leu Glu Lys Tyr
 210 215 220

gaa aat aat act ttg gct tta gaa gat gca ggt atc gcg tat gct tgc 720
 Glu Asn Asn Thr Leu Ala Leu Glu Asp Ala Gly Ile Ala Tyr Ala Cys
 225 230 235 240

gat caa att gtc gat tta atc aca agt ggt gta gat gga att cat ctt 768
 Asp Gln Ile Val Asp Leu Ile Thr Ser Gly Val Asp Gly Ile His Leu
 245 250 255

tat act atg aat aaa tcc aaa gcg gct att aaa att tat gaa gct gta 816
 Tyr Thr Met Asn Lys Ser Lys Ala Ala Ile Lys Ile Tyr Glu Ala Val
 260 265 270

aag cat ttg ctt aaa gaa gag ctt cat gct tag 849
 Lys His Leu Leu Lys Glu Glu Leu His Ala
 275 280

<210> 48

<211> 282

<212> PRT

<213> Campylobacter jejuni

<400> 48

Met Cys Ser Phe Ser Phe Glu Val Phe Pro Pro Arg Lys Asp Glu Asn
 1 5 10 15

Ile Lys Asn Leu His Ala Ile Leu Asp Asp Leu Gly Gln Leu Ser Pro
 20 25 30

Asn Phe Ile Ser Val Thr Phe Gly Ala Gly Gly Ser Ile Asn Ser Gln
 35 40 45

Asn Thr Leu Glu Val Ala Ser Leu Ile Gln Glu Glu Tyr Gln Ile Pro
 50 55 60

Ser Ile Val His Leu Pro Cys Ile His Ser Ser Lys Glu Lys Ile Thr
 65 70 75 80

Gln Ile Leu Gln Lys Cys Lys Glu Lys Asn Leu Asn Gln Ile Leu Ala
 85 90 95

Leu Arg Gly Asp Ile Cys Glu Asn Leu Lys Lys Ser Lys Asp Phe Ser
 100 105 110
 Tyr Ala Ser Asp Leu Ile Ser Phe Ile Lys Lys Gln Glu Tyr Phe Glu
 115 120 125
 Ile Tyr Ala Ala Cys Tyr Pro Glu Lys His Asn Glu Ser Lys Asn Phe
 130 135 140
 Ile Glu Asp Ile His His Leu Lys Thr Lys Val Asn Ala Gly Thr Asp
 145 150 155 160
 Lys Leu Ile Thr Gln Leu Phe Tyr Asp Asn Glu Asp Phe Tyr Thr Phe
 165 170 175
 Lys Gln Asn Cys Ala Leu Ala Asp Ile Asp Ile Pro Ile Tyr Ala Gly
 180 185 190
 Ile Met Pro Ile Thr Asn Lys Arg Gln Val Leu Lys Ile Ser Gln Leu
 195 200 205
 Cys Gly Ala Lys Ile Pro Pro Lys Phe Val Lys Ile Leu Glu Lys Tyr
 210 215 220
 Glu Asn Asn Thr Leu Ala Leu Glu Asp Ala Gly Ile Ala Tyr Ala Cys
 225 230 235 240
 Asp Gln Ile Val Asp Leu Ile Thr Ser Gly Val Asp Gly Ile His Leu
 245 250 255
 Tyr Thr Met Asn Lys Ser Lys Ala Ala Ile Lys Ile Tyr Glu Ala Val
 260 265 270
 Lys His Leu Leu Lys Glu Glu Leu His Ala
 275 280

<210> 49

<211> 852

<212> DNA

<213> Lactococcus lactis

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(849)

<223> AAK05352

<400> 49

atg aca agt aat tcc aaa att ctt tct ttt gaa gtt ttt cca cct aca 48
 Met Thr Ser Asn Ser Lys Ile Leu Ser Phe Glu Val Phe Pro Pro Thr
 1 5 10 15

act caa att gga agt acc aac ttg gta aag acc ttg gat agc cta aga 96
 Thr Gln Ile Gly Ser Thr Asn Leu Val Lys Thr Leu Asp Ser Leu Arg
 20 25 30

act ctc tcg cca gat ttt atc agt gta act tgt agt aac aat aat tat 144
 Thr Leu Ser Pro Asp Phe Ile Ser Val Thr Cys Ser Asn Asn Asn Tyr
 35 40 45

gat aat att gga gat aca act ata aag ttt gct gat tat gta aac aat	192
Asp Asn Ile Gly Asp Thr Thr Ile Lys Phe Ala Asp Tyr Val Asn Asn	
50 55 60	
aca cta gat att cca gcg gtt gct cat tta cct gcc gct tat tta gat	240
Thr Leu Asp Ile Pro Ala Val Ala His Leu Pro Ala Ala Tyr Leu Asp	
65 70 75 80	
aaa gct caa gtg atc gaa att ttg gaa cgg tta aaa gat aaa caa atc	288
Lys Ala Gln Val Ile Glu Ile Leu Glu Arg Leu Lys Asp Lys Gln Ile	
85 90 95	
aaa aaa att ctt gct tta aga ggt gat atc agc gat gaa ccg atg aaa	336
Lys Lys Ile Leu Ala Leu Arg Gly Asp Ile Ser Asp Glu Pro Met Lys	
100 105 110	
gat gat ttt aaa ttt gca agt gat ttg gtt aaa ttt atc aaa gat tat	384
Asp Asp Phe Lys Phe Ala Ser Asp Leu Val Lys Phe Ile Lys Asp Tyr	
115 120 125	
gat gat agt ttt gaa gtt tta ggt gct tgc tac ccc gat att cat ccc	432
Asp Asp Ser Phe Glu Val Leu Gly Ala Cys Tyr Pro Asp Ile His Pro	
130 135 140	
gaa tca gta aat cga gtg agt gat ttt cat tat ctg aaa gaa aaa gta	480
Glu Ser Val Asn Arg Val Ser Asp Phe His Tyr Leu Lys Glu Lys Val	
145 150 155 160	
gat gct ggt tgt gac aga tta atc acg caa cta ttt ttt gat aat gat	528
Asp Ala Gly Cys Asp Arg Leu Ile Thr Gln Leu Phe Phe Asp Asn Asp	
165 170 175	
agt ttc tat gat ttt caa gaa cga tgc gca att gct gag ata aat act	576
Ser Phe Tyr Asp Phe Gln Glu Arg Cys Ala Ile Ala Glu Ile Asn Thr	
180 185 190	
ccg ata ttc gcc gga ata atg cca gta atc aat cga aat caa att ctt	624
Pro Ile Phe Ala Gly Ile Met Pro Val Ile Asn Arg Asn Gln Ile Leu	
195 200 205	
cgt cta tta aaa aat tgt aat acg cca tta cca gca aaa ttc att aga	672
Arg Leu Leu Lys Asn Cys Asn Thr Pro Leu Pro Ala Lys Phe Ile Arg	
210 215 220	
ata ctc gaa aaa tat gaa cat aat ctt atc gct tta agg gat gct gga	720
Ile Leu Glu Lys Tyr Glu His Asn Leu Ile Ala Leu Arg Asp Ala Gly	
225 230 235 240	
att gct tac gcc atc gat caa atc gtt gat tta gta aca gag gat gtt	768
Ile Ala Tyr Ala Ile Asp Gln Ile Val Asp Leu Val Thr Glu Asp Val	
245 250 255	
gct gga att cac ctc tat acg atg aat aat gca aat acg gca cac tcc	816
Ala Gly Ile His Leu Tyr Thr Met Asn Asn Ala Asn Thr Ala His Ser	
260 265 270	
atc cat gct tca att tct tct tta ttt acc ttt tga	852
Ile His Ala Ser Ile Ser Ser Leu Phe Thr Phe	
275 280	

<210> 50

<211> 283

<212> PRT

<213> Lactococcus lactis

<400> 50

Met Thr Ser Asn Ser Lys Ile Leu Ser Phe Glu Val Phe Pro Pro Thr
 1 5 10 15

Thr Gln Ile Gly Ser Thr Asn Leu Val Lys Thr Leu Asp Ser Leu Arg
 20 25 30

Thr Leu Ser Pro Asp Phe Ile Ser Val Thr Cys Ser Asn Asn Asn Tyr
 35 40 45

Asp Asn Ile Gly Asp Thr Thr Ile Lys Phe Ala Asp Tyr Val Asn Asn
 50 55 60

Thr Leu Asp Ile Pro Ala Val Ala His Leu Pro Ala Ala Tyr Leu Asp
 65 70 75 80

Lys Ala Gln Val Ile Glu Ile Leu Glu Arg Leu Lys Asp Lys Gln Ile
 85 90 95

Lys Lys Ile Leu Ala Leu Arg Gly Asp Ile Ser Asp Glu Pro Met Lys
 100 105 110

Asp Asp Phe Lys Phe Ala Ser Asp Leu Val Lys Phe Ile Lys Asp Tyr
 115 120 125

Asp Asp Ser Phe Glu Val Leu Gly Ala Cys Tyr Pro Asp Ile His Pro
 130 135 140

Glu Ser Val Asn Arg Val Ser Asp Phe His Tyr Leu Lys Glu Lys Val
 145 150 155 160

Asp Ala Gly Cys Asp Arg Leu Ile Thr Gln Leu Phe Phe Asp Asn Asp
 165 170 175

Ser Phe Tyr Asp Phe Gln Glu Arg Cys Ala Ile Ala Glu Ile Asn Thr
 180 185 190

Pro Ile Phe Ala Gly Ile Met Pro Val Ile Asn Arg Asn Gln Ile Leu
 195 200 205

Arg Leu Leu Lys Asn Cys Asn Thr Pro Leu Pro Ala Lys Phe Ile Arg
 210 215 220

Ile Leu Glu Lys Tyr Glu His Asn Leu Ile Ala Leu Arg Asp Ala Gly
 225 230 235 240

Ile Ala Tyr Ala Ile Asp Gln Ile Val Asp Leu Val Thr Glu Asp Val
 245 250 255

Ala Gly Ile His Leu Tyr Thr Met Asn Asn Ala Asn Thr Ala His Ser
 260 265 270

Ile His Ala Ser Ile Ser Ser Leu Phe Thr Phe
 275 280

<210> 51
 <211> 891
 <212> DNA
 <213> *Prochlorococcus maritima*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (888)
 <223> RCK01602

<400> 51
 ttg aaa tca aaa ctt cag caa act tta gaa aag aat tca aaa gta att 48
 Leu Lys Ser Lys Leu Gln Gln Thr Leu Glu Lys Asn Ser Lys Val Ile
 1 5 10 15
 aca gca gaa tta atg ccg cca aga gga gga gac ccc gta aga tct ctt 96
 Thr Ala Glu Leu Met Pro Pro Arg Gly Gly Asp Pro Val Arg Ser Leu
 20 25 30
 aaa ata gca caa ctc ttg aga aat aag gtg cat gca gtt aat att aca 144
 Lys Ile Ala Gln Leu Leu Arg Asn Lys Val His Ala Val Asn Ile Thr
 35 40 45
 gac gga agt aga gca ata atg aga atg tgt agt tta gca atg tct aaa 192
 Asp Gly Ser Arg Ala Ile Met Arg Met Cys Ser Leu Ala Met Ser Lys
 50 55 60
 cta tta cta gac aat ggg ata gaa cct ata atg cag atc tca tgt aga 240
 Leu Leu Leu Asp Asn Gly Ile Glu Pro Ile Met Gln Ile Ser Cys Arg
 65 70 75 80
 gat cgt aat aaa att gct tta caa tca gat att ctt gga gca aat gcc 288
 Asp Arg Asn Lys Ile Ala Leu Gln Ser Asp Ile Leu Gly Ala Asn Ala
 85 90 95
 tta gga att aaa aat att tta tgc att aca gga gat tct gta aaa gcc 336
 Leu Gly Ile Lys Asn Ile Leu Cys Ile Thr Gly Asp Ser Val Lys Ala
 100 105 110
 gga gat cag caa gaa aca aaa gcc gtt cat gaa ttt gag gca gta aga 384
 Gly Asp Gln Gln Glu Thr Lys Ala Val His Glu Phe Glu Ala Val Arg
 115 120 125
 tta tta aaa caa att caa tca ttc aat caa gga att gat cct act ttt 432
 Leu Leu Lys Gln Ile Gln Ser Phe Asn Gln Gly Ile Asp Pro Thr Phe
 130 135 140
 gaa caa ctt cca gac aaa agg act gaa att ttc tca ggt gcg gca gta 480
 Glu Gln Leu Pro Asp Lys Arg Thr Glu Ile Phe Ser Gly Ala Ala Val
 145 150 155 160
 gat cca agt tgt cga aat caa aga agt tta aaa agt aga aca att aaa 528
 Asp Pro Ser Cys Arg Asn Gln Arg Ser Leu Lys Ser Arg Thr Ile Lys
 165 170 175
 aaa aaa gag gcc ggt gca aat ttc tta caa act caa ata gtt atg gat 576
 Lys Lys Glu Ala Gly Ala Asn Phe Leu Gln Thr Gln Ile Val Met Asp
 180 185 190
 aga aaa tgt tta gca gac ttt tgc aac gaa atc agt aat cca ctt gag 624

Arg Lys Cys Leu Ala Asp Phe Cys Asn Glu Ile Ser Asn Pro Leu Glu
 195 200 205
 ata cca gtt att gca gga gta ttt ctt tta aaa tca tat aaa aat gct 672
 Ile Pro Val Ile Ala Gly Val Phe Leu Leu Lys Ser Tyr Lys Asn Ala
 210 215 220
 ctt ttc ata aat aaa ttt gta cct gga gcg aat att cct gaa aat gtt 720
 Leu Phe Ile Asn Lys Phe Val Pro Gly Ala Asn Ile Pro Glu Asn Val
 225 230 235 240
 tta aat cgt ctc aaa gat gca aaa aat cca ctt caa gaa gga ata tta 768
 Leu Asn Arg Leu Lys Asp Ala Lys Asn Pro Leu Gln Glu Gly Ile Leu
 245 250 255
 att gct tca gag caa gct caa gat ttt att aat att gca gat gga att 816
 Ile Ala Ser Glu Gln Ala Gln Asp Phe Ile Asn Ile Ala Asp Gly Ile
 260 265 270
 cat ctt atg gca gtc aaa tca gaa cat ctt atc cca gag ata ctt gaa 864
 His Leu Met Ala Val Lys Ser Glu His Leu Ile Pro Glu Ile Leu Glu
 275 280 285
 aaa gct ggt ctc aat ctg gaa tgt taa 891
 Lys Ala Gly Leu Asn Leu Glu Cys
 290 295
 <210> 52
 <211> 296
 <212> PRT
 <213> *Prochlorococcus maritima*
 <400> 52
 Leu Lys Ser Lys Leu Gln Gln Thr Leu Glu Lys Asn Ser Lys Val Ile
 1 5 10 15
 Thr Ala Glu Leu Met Pro Pro Arg Gly Gly Asp Pro Val Arg Ser Leu
 20 25 30
 Lys Ile Ala Gln Leu Leu Arg Asn Lys Val His Ala Val Asn Ile Thr
 35 40 45
 Asp Gly Ser Arg Ala Ile Met Arg Met Cys Ser Leu Ala Met Ser Lys
 50 55 60
 Leu Leu Leu Asp Asn Gly Ile Glu Pro Ile Met Gln Ile Ser Cys Arg
 65 70 75 80
 Asp Arg Asn Lys Ile Ala Leu Gln Ser Asp Ile Leu Gly Ala Asn Ala
 85 90 95
 Leu Gly Ile Lys Asn Ile Leu Cys Ile Thr Gly Asp Ser Val Lys Ala
 100 105 110
 Gly Asp Gln Gln Glu Thr Lys Ala Val His Glu Phe Glu Ala Val Arg
 115 120 125
 Leu Leu Lys Gln Ile Gln Ser Phe Asn Gln Gly Ile Asp Pro Thr Phe
 130 135 140

Glu Gln Leu Pro Asp Lys Arg Thr Glu Ile Phe Ser Gly Ala Ala Val
 145 150 155 160

Asp Pro Ser Cys Arg Asn Gln Arg Ser Leu Lys Ser Arg Thr Ile Lys
 165 170 175

Lys Lys Glu Ala Gly Ala Asn Phe Leu Gln Thr Gln Ile Val Met Asp
 180 185 190

Arg Lys Cys Leu Ala Asp Phe Cys Asn Glu Ile Ser Asn Pro Leu Glu
 195 200 205

Ile Pro Val Ile Ala Gly Val Phe Leu Leu Lys Ser Tyr Lys Asn Ala
 210 215 220

Leu Phe Ile Asn Lys Phe Val Pro Gly Ala Asn Ile Pro Glu Asn Val
 225 230 235 240

Leu Asn Arg Leu Lys Asp Ala Lys Asn Pro Leu Gln Glu Gly Ile Leu
 245 250 255

Ile Ala Ser Glu Gln Ala Gln Asp Phe Ile Asn Ile Ala Asp Gly Ile
 260 265 270

His Leu Met Ala Val Lys Ser Glu His Leu Ile Pro Glu Ile Leu Glu
 275 280 285

Lys Ala Gly Leu Asn Leu Glu Cys
 290 295

<210> 53

<211> 1848

<212> DNA

<213> *Bacillus stearothermophilus*

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1845)

<223> RBE04103

<400> 53

gtg gga ttg ctg gat gag ttg aaa gag cgc att ctc atc gcc gac ggg 48
 Val Gly Leu Leu Asp Glu Leu Lys Glu Arg Ile Leu Ile Ala Asp Gly
 1 5 10 15

gcg atg gga acg ctt tta tat tcg cac ggc att gac cgt tgt ttt gaa 96
 Ala Met Gly Thr Leu Leu Tyr Ser His Gly Ile Asp Arg Cys Phe Glu
 20 25 30

gaa ttg aat cta tcc aat cca gat gaa atc gtc cat att cat gaa gcg 144
 Glu Leu Asn Leu Ser Asn Pro Asp Glu Ile Val His Ile His Glu Ala
 35 40 45

tat atc gcc gcg ggc gcc gac gtc att cag acg aat aca tac ggc gcc 192
 Tyr Ile Ala Ala Gly Ala Asp Val Ile Gln Thr Asn Thr Tyr Gly Ala
 50 55 60

aac tat gtg aaa ctc gcc cgc tac ggc ctt gaa gat gag gtg ccg gcc 240
 Asn Tyr Val Lys Leu Ala Arg Tyr Gly Leu Glu Asp Glu Val Pro Ala

65	70	75	80	
atc aac cgc gcg gcg gtg cgg ctc gcc agg caa gcg gcg aac gga cgg				288
Ile Asn Arg Ala Ala Val Arg Leu Ala Arg Gln Ala Ala Asn Gly Arg	85	90	95	
gca tac gtg ctc ggg acg atc ggg ggg ctg cgc acg tta aac aaa agc				336
Ala Tyr Val Leu Gly Thr Ile Gly Gly Leu Arg Thr Leu Asn Lys Ser	100	105	110	
gtc gtc acg ctc gaa gaa gtg aag cgg acg ttt cgc gag cag ctg ttt				384
Val Val Thr Leu Glu Glu Val Lys Arg Thr Phe Arg Glu Gln Leu Phe	115	120	125	
gtc ctg ctc gct gaa ggg gtc gac ggc gtg ctg ctc gag acg tat tac				432
Val Leu Leu Ala Glu Gly Val Asp Gly Val Leu Leu Glu Thr Tyr Tyr	130	135	140	
gat ttg gaa gag ttg gag acg gtg ctt gcc atc gcc cgc aaa gag acc				480
Asp Leu Glu Glu Leu Glu Thr Val Leu Ala Ile Ala Arg Lys Glu Thr	145	150	155	160
gac ttg ccg att atc gct cac gtc tcg ctc cat gaa gtc ggc gtc ttg				528
Asp Leu Pro Ile Ile Ala His Val Ser Leu His Glu Val Gly Val Leu	165	170	175	
caa gat ggc acg ccg ctc gcg gac gcc ctt gcc cgc cta gag gcg ctc				576
Gln Asp Gly Thr Pro Leu Ala Asp Ala Leu Ala Arg Leu Glu Ala Leu	180	185	190	
ggg gcc gat gtc gtc gga ctg aac tgt cgt ctc ggt cca tat cat atg				624
Gly Ala Asp Val Val Gly Leu Asn Cys Arg Leu Gly Pro Tyr His Met	195	200	205	
ctt cgg tcg ctc gag gaa gtg ccg ctg cca aat cga gcg ttt ttg tcg				672
Leu Arg Ser Leu Glu Glu Val Pro Leu Pro Asn Arg Ala Phe Leu Ser	210	215	220	
gcg tat ccg aac gcc agc ctt ccg gat tac cgc gat ggg cgg ctt gtc				720
Ala Tyr Pro Asn Ala Ser Leu Pro Asp Tyr Arg Asp Gly Arg Leu Val	225	230	235	240
tat gag acg aac gct gaa tat ttc gag gaa acg gcc aaa gcg ttc cgc				768
Tyr Glu Thr Asn Ala Glu Tyr Phe Glu Glu Thr Ala Lys Ala Phe Arg	245	250	255	
gac caa ggg gtg cgc ttg atc ggc ggg tgc tgc ggc acg acg ccg aaa				816
Asp Gln Gly Val Arg Leu Ile Gly Gly Cys Cys Gly Thr Thr Pro Lys	260	265	270	
cat atc gaa gcg atg gca aaa gcg ctc tcc gac cga acg ccg gtg acg				864
His Ile Glu Ala Met Ala Lys Ala Leu Ser Asp Arg Thr Pro Val Thr	275	280	285	
gaa aaa acg gtg aaa cgg cgc gcg gtg tct gta tca gtg caa gcg gag				912
Glu Lys Thr Val Lys Arg Arg Ala Val Ser Val Ser Val Gln Ala Glu	290	295	300	
cgg ccc gcc cca tct ccc ctt ccc gag ctt gcc cgc acg cac cgc tcg				960
Arg Pro Ala Pro Ser Pro Leu Pro Glu Leu Ala Arg Thr His Arg Ser	305	310	315	320

gtc att gtg gag ctg gat ccg ccg aaa aaa ttg ggg att gac aag ttt	1008
Val Ile Val Glu Leu Asp Pro Pro Lys Lys Leu Gly Ile Asp Lys Phe	
325 330 335	
ctt gcc ggg gcg aaa gcg ctc cat gac gcc ggc atc gat gcg ctg acg	1056
Leu Ala Gly Ala Lys Ala Leu His Asp Ala Gly Ile Asp Ala Leu Thr	
340 345 350	
ttg gcc gac aac tcg ctc gcc acg ccg cgc atc agc aac gcc gct gtc	1104
Leu Ala Asp Asn Ser Leu Ala Thr Pro Arg Ile Ser Asn Ala Ala Val	
355 360 365	
gcc acg atc atc aag gag caa ctc ggc atc cgc ccg ctc gtg cat att	1152
Ala Thr Ile Ile Lys Glu Gln Leu Gly Ile Arg Pro Leu Val His Ile	
370 375 380	
aca tgc cgc gat cgc aat ttg atc ggc ttg cag tcg cat ttg atg ggc	1200
Thr Cys Arg Asp Arg Asn Leu Ile Gly Leu Gln Ser His Leu Met Gly	
385 390 395 400	
ttg cat acg ctc ggc atc acc gat gtg ctc gcc att acc ggc gac ccg	1248
Leu His Thr Leu Gly Ile Thr Asp Val Leu Ala Ile Thr Gly Asp Pro	
405 410 415	
tcg aaa atc ggc gat ttt cca ggg gca acg tcc gtg tac gac tta tca	1296
Ser Lys Ile Gly Asp Phe Pro Gly Ala Thr Ser Val Tyr Asp Leu Ser	
420 425 430	
tcg ttc gat ttg atc cgc ttg atc cgc cag ttt aac gaa ggg ctg tcg	1344
Ser Phe Asp Leu Ile Arg Leu Ile Arg Gln Phe Asn Glu Gly Leu Ser	
435 440 445	
tac tcg ggc aaa ccg ctt ggg caa aaa acg aac ttc tcg atc ggc gct	1392
Tyr Ser Gly Lys Pro Leu Gly Gln Lys Thr Asn Phe Ser Ile Gly Ala	
450 455 460	
gcg ttc aac ccg aac gtc cgc cat ttg gac aaa gcg gtc gag cgg atg	1440
Ala Phe Asn Pro Asn Val Arg His Leu Asp Lys Ala Val Glu Arg Met	
465 470 475 480	
gag aaa aaa atc caa tgc ggc gcc cat tat ttc ttg acc cag ccg att	1488
Glu Lys Lys Ile Gln Cys Gly Ala His Tyr Phe Leu Thr Gln Pro Ile	
485 490 495	
tac tcg gaa gag aaa atc gtt gaa gtg cac gaa gcg acc aag cat ctt	1536
Tyr Ser Glu Glu Lys Ile Val Glu Val His Glu Ala Thr Lys His Leu	
500 505 510	
gac acg ccg att tac atc ggc att atg ccg ctt gtg agc gcg cgc aac	1584
Asp Thr Pro Ile Tyr Ile Gly Ile Met Pro Leu Val Ser Ala Arg Asn	
515 520 525	
gcc gac ttt ttg cat cat gaa gtg ccg ggc att acg ctc tct gac gag	1632
Ala Asp Phe Leu His His Glu Val Pro Gly Ile Thr Leu Ser Asp Glu	
530 535 540	
att cgc gcc cgc atg gcc gcc tgc agc ggc gac ccg gtg caa gca gcc	1680
Ile Arg Ala Arg Met Ala Ala Cys Ser Gly Asp Pro Val Gln Ala Ala	
545 550 555 560	

aag gaa ggc atc gct atc gcc aaa tcg ctc att gac gct gcg ttt gat 1728
 Lys Glu Gly Ile Ala Ile Ala Lys Ser Leu Ile Asp Ala Ala Phe Asp
 565 570 575

ttg ttt aac ggc att tat ttg atc acg ccg ttc ttg cgc tac gac atg 1776
 Leu Phe Asn Gly Ile Tyr Leu Ile Thr Pro Phe Leu Arg Tyr Asp Met
 580 585 590

acg gtc gag ctt gtc cgc tac att cac gaa aaa gaa gcg gcc gcc aaa 1824
 Thr Val Glu Leu Val Arg Tyr Ile His Glu Lys Glu Ala Ala Ala Lys
 595 600 605

gaa agg aag gtt gtt cat ggc taa 1848
 Glu Arg Lys Val Val His Gly
 610 615

<210> 54

<211> 615

<212> PRT

<213> Bacillus stearothermophilus

<400> 54

Val Gly Leu Leu Asp Glu Leu Lys Glu Arg Ile Leu Ile Ala Asp Gly
 1 5 10 15

Ala Met Gly Thr Leu Leu Tyr Ser His Gly Ile Asp Arg Cys Phe Glu
 20 25 30

Glu Leu Asn Leu Ser Asn Pro Asp Glu Ile Val His Ile His Glu Ala
 35 40 45

Tyr Ile Ala Ala Gly Ala Asp Val Ile Gln Thr Asn Thr Tyr Gly Ala
 50 55 60

Asn Tyr Val Lys Leu Ala Arg Tyr Gly Leu Glu Asp Glu Val Pro Ala
 65 70 75 80

Ile Asn Arg Ala Ala Val Arg Leu Ala Arg Gln Ala Ala Asn Gly Arg
 85 90 95

Ala Tyr Val Leu Gly Thr Ile Gly Gly Leu Arg Thr Leu Asn Lys Ser
 100 105 110

Val Val Thr Leu Glu Glu Val Lys Arg Thr Phe Arg Glu Gln Leu Phe
 115 120 125

Val Leu Leu Ala Glu Gly Val Asp Gly Val Leu Leu Glu Thr Tyr Tyr
 130 135 140

Asp Leu Glu Glu Leu Glu Thr Val Leu Ala Ile Ala Arg Lys Glu Thr
 145 150 155 160

Asp Leu Pro Ile Ile Ala His Val Ser Leu His Glu Val Gly Val Leu
 165 170 175

Gln Asp Gly Thr Pro Leu Ala Asp Ala Leu Ala Arg Leu Glu Ala Leu
 180 185 190

Gly Ala Asp Val Val Gly Leu Asn Cys Arg Leu Gly Pro Tyr His Met

195					200					205					
Leu	Arg	Ser	Leu	Glu	Glu	Val	Pro	Leu	Pro	Asn	Arg	Ala	Phe	Leu	Ser
210						215					220				
Ala	Tyr	Pro	Asn	Ala	Ser	Leu	Pro	Asp	Tyr	Arg	Asp	Gly	Arg	Leu	Val
225					230					235					240
Tyr	Glu	Thr	Asn	Ala	Glu	Tyr	Phe	Glu	Glu	Thr	Ala	Lys	Ala	Phe	Arg
			245						250					255	
Asp	Gln	Gly	Val	Arg	Leu	Ile	Gly	Gly	Cys	Cys	Gly	Thr	Thr	Pro	Lys
			260					265					270		
His	Ile	Glu	Ala	Met	Ala	Lys	Ala	Leu	Ser	Asp	Arg	Thr	Pro	Val	Thr
		275					280					285			
Glu	Lys	Thr	Val	Lys	Arg	Arg	Ala	Val	Ser	Val	Ser	Val	Gln	Ala	Glu
	290						295					300			
Arg	Pro	Ala	Pro	Ser	Pro	Leu	Pro	Glu	Leu	Ala	Arg	Thr	His	Arg	Ser
305						310					315				320
Val	Ile	Val	Glu	Leu	Asp	Pro	Pro	Lys	Lys	Leu	Gly	Ile	Asp	Lys	Phe
				325					330					335	
Leu	Ala	Gly	Ala	Lys	Ala	Leu	His	Asp	Ala	Gly	Ile	Asp	Ala	Leu	Thr
			340					345					350		
Leu	Ala	Asp	Asn	Ser	Leu	Ala	Thr	Pro	Arg	Ile	Ser	Asn	Ala	Ala	Val
		355					360					365			
Ala	Thr	Ile	Ile	Lys	Glu	Gln	Leu	Gly	Ile	Arg	Pro	Leu	Val	His	Ile
	370						375					380			
Thr	Cys	Arg	Asp	Arg	Asn	Leu	Ile	Gly	Leu	Gln	Ser	His	Leu	Met	Gly
385						390					395				400
Leu	His	Thr	Leu	Gly	Ile	Thr	Asp	Val	Leu	Ala	Ile	Thr	Gly	Asp	Pro
			405						410					415	
Ser	Lys	Ile	Gly	Asp	Phe	Pro	Gly	Ala	Thr	Ser	Val	Tyr	Asp	Leu	Ser
			420					425					430		
Ser	Phe	Asp	Leu	Ile	Arg	Leu	Ile	Arg	Gln	Phe	Asn	Glu	Gly	Leu	Ser
		435					440					445			
Tyr	Ser	Gly	Lys	Pro	Leu	Gly	Gln	Lys	Thr	Asn	Phe	Ser	Ile	Gly	Ala
		450					455					460			
Ala	Phe	Asn	Pro	Asn	Val	Arg	His	Leu	Asp	Lys	Ala	Val	Glu	Arg	Met
465						470					475				480
Glu	Lys	Lys	Ile	Gln	Cys	Gly	Ala	His	Tyr	Phe	Leu	Thr	Gln	Pro	Ile
			485						490					495	
Tyr	Ser	Glu	Glu	Lys	Ile	Val	Glu	Val	His	Glu	Ala	Thr	Lys	His	Leu
			500					505					510		
Asp	Thr	Pro	Ile	Tyr	Ile	Gly	Ile	Met	Pro	Leu	Val	Ser	Ala	Arg	Asn
		515					520					525			

Ala Asp Phe Leu His His Glu Val Pro Gly Ile Thr Leu Ser Asp Glu
530 535 540

Ile Arg Ala Arg Met Ala Ala Cys Ser Gly Asp Pro Val Gln Ala Ala
545 550 555 560

Lys Glu Gly Ile Ala Ile Ala Lys Ser Leu Ile Asp Ala Ala Phe Asp
565 570 575

Leu Phe Asn Gly Ile Tyr Leu Ile Thr Pro Phe Leu Arg Tyr Asp Met
580 585 590

Thr Val Glu Leu Val Arg Tyr Ile His Glu Lys Glu Ala Ala Ala Lys
595 600 605

Glu Arg Lys Val Val His Gly
610 615

<210> 55

<211> 52

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 55

cccgggatcc gctagcggcg cgccggcccg cccggtgtga aataccgcac ag 52

<210> 56

<211> 53

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 56

tctagactcg agcggcccg gcccgccttt aaattgaaga cgaaagggcc tcg 53

<210> 57

<211> 47

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 57

gagatctaga cccggggatc cgctagcggg ctgctaaagg aagcgga 47

<210> 58

<211> 38

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 58

gagaggcgcg cgcctagcgt gggcgaagaa ctccagca

38

<210> 59

<211> 34

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 59

gagagggcgg ccgcgcaaag tcccgttcg tgaa

34

<210> 60

<211> 34

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 60

gagagggcgg ccgctcaagt cggtaagcc acgc

34

<210> 61

<211> 140

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 61

tcgaatttaa atctcgagag gcctgacgtc gggcccggtc ccacgcgtca tatgactagt	60
tcggacctag ggatatcgtc gacatcgatg ctcttctgcg ttaattaaca attgggatcc	120
tctagaccg ggatttaa	140

<210> 62

<211> 140

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 62

gatcatttaa atccccgggtc tagaggatcc caattgttaa ttaacgcaga agagcatcga	60
tgctgacgat atccctaggt ccgaactagt catatgacgc gtggtaccgg gcccgacgtc	120
aggcctctcg agatttaa	140

<210> 63

<211> 33

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 63

gagagcggcc gccgacctt tttaacccat cac

33

<210> 64

<211> 32

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:PCR primer

<400> 64

aggagcggcc gccatcggca ttttcttttg cg

32

<210> 65

<211> 5091

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:Plasmid

<400> 65

```

gccgcgactg ccttcgcgaa gccttgcccc gcggaaattt cctccaccga gttcgtgcac 60
acccctatgc caagcttctt tcaccctaaa ttcgagagat tggattctta ccgtggaaat 120
tcttcgcaaa aatcgtcccc tgatcgccct tgcgacgttg gcgtcgggtgc cgctgggtgc 180
gcttggttg accgacttga tcagcggccg ctcgatttaa atctcgagag gcctgacgtc 240
gggcccggta ccacgcgtca tatgactagt tcggacctag ggatatcgtc gacatcgatg 300
ctcttctgcg ttaattaaca attgggatcc tctagaccgg ggatttaa at cgctagcggg 360
ctgctaaagg aagcggaaaca cgtagaaagc cagtccgcag aaacgggtgct gaccccggt 420
gaatgtcagc tactgggcta tctggacaag ggaaaacgca agcgcgaaaga gaaagcaggt 480
agcttgacgt gggcttacat ggcgatagct agactgggcg gttttatgga cagcaagcga 540
accggaattt ccagctgggg cgccctctgg taagggttggg aagccctgca aagtaaaactg 600
gatggctttt ttgcgcgcaa ggatctgatg gcgcagggga tcaagatctg atcaagagac 660
aggatgagga tcgttttcgca tgattgaaca agatggattg cacgcaggtt ctccggccgc 720
ttgggtggag aggtatttcg gctatgactg ggcacaacag acaatcggct gctctgatgc 780
cgccgtgttc cggctgtcag cgcaggggcg cccggttctt tttgtcaaga ccgacctgtc 840
cggtgccctg aatgaactgc aggacgaggg agcgcggcta tcgtggctgg ccacgacggg 900
cgttccttgc gcagctgtgc tcgacgttgt cactgaagcg ggaagggact ggctgctatt 960
gggcgaagtg cgggggcagg atctcctgtc atctcacctt gctcctgccc agaaagtatc 1020
catcatggct gatgcaatgc ggcggtgca tacgcttgat ccggctacct gcccatctga 1080
ccaccaagcg aaacatcgca tcgagcgagc acgtactcgg atggaagccg gtcttgtcga 1140
tcaggatgat ctggacgaag agcatcaggg gctcgcgcga gccgaactgt tcgccagggt 1200
caaggcgcgc atgcccgcag gcgaggatct cgtcgtgacc catggcgatg cctgcttgcc 1260
gaatatcatg gtggaaaatg gccgcttttc tggattcatc gactgtggcc ggctgggtgt 1320
ggcggaccgc tatcaggaca tagcgttggc taccgctgat attgctgaag agcttggcgg 1380
cgaatgggct gaccgcttcc tcgtgcttta cggtatcgcc gctcccgaatt cgcagcgcat 1440
cgccttctat cgccttcttg acgagttctt ctgagcggga ctctgggggt cgaaatgacc 1500
gaccaagcga cgcccaacct gccatcacga gatttcgatt ccaccgcccgc cttctatgaa 1560
aggttgggct tcggaatcgt tttccgggac gccggctgga tgatcctcca gcgcggggat 1620
ctcatgctgg agttcttcgc ccacgctagc ggcgcgccgg ccggcccggt gtgaaatacc 1680
gcacagatgc gtaaggagaa aataccgcat caggcgctct tccgcttctc cgctcactga 1740
ctcgtgcgc tcggtcgttc ggctgcggcg agcgggtatca gctcactcaa aggcggtaat 1800

```

acggttatcc	acagaatcag	gggataacgc	aggaaagaac	atgtgagcaa	aaggccagca	1860
aaaggccagg	aaccgtaaaa	aggccgcggt	gctggcggtt	ttccatagge	tccgcccccc	1920
tgacgagcat	cacaaaaatc	gacgctcaag	tcagagggtg	cgaaaccgga	caggactata	1980
aagataccag	gcgtttcccc	ctggaagctc	cctcgtgcgc	tctcctgttc	cgaccctgcc	2040
gcttaccgga	tacctgtccg	cctttctccc	ttcggaagc	gtggcgcttt	ctcatagctc	2100
acgctgtagg	tatctcagtt	cggtgtaggt	cgttcgctcc	aagctgggct	gtgtgcacga	2160
acccccggt	cagcccagacc	gctgcgcctt	atccggtaac	tatcgtcttg	agtccaaccc	2220
ggtaagacac	gacttatcgc	cactggcagc	agccactggg	aacaggatta	gcagagcgag	2280
gtatgtaggc	ggtgctacag	agttcttgaa	gtgggtggcct	aactacggct	acactagaag	2340
gacagtattt	ggtatctgcg	ctctgctgaa	gccagttacc	ttcggaaaaa	gagttggtag	2400
ctcttgatcc	ggcaaacaaa	ccaccgctgg	tagcggtggg	ttttttgttt	gcaagcagca	2460
gattacgcgc	agaaaaaaaag	gatctcaaga	agatcctttg	atcttttcta	cggggtctga	2520
cgctcagtg	aacgaaaact	cacgttaagg	gattttgggt	atgagattat	caaaaaggat	2580
cttcacctag	atccttttaa	aggccggccg	cggccgcgca	aagtcccgc	tctgaaaaat	2640
tttcgtgccc	cgtgattttc	cgccaaaaac	tttaacgaac	gttcgttata	atggtgtcat	2700
gaccttcacg	acgaagtact	aaaattggcc	cgaatcatca	gctatggatc	tctctgatgt	2760
cgcgctggag	tccgacgcgc	tcgatgctgc	cgctcgattta	aaaacggtga	tcggattttt	2820
ccgagctctc	gatacgacgg	acgcgccagc	atcacgagac	tgggccagtg	ccgcgagcga	2880
cctagaaact	ctcgtggcgg	atcttgagga	gctggctgac	gagctgcgtg	ctcggccagc	2940
gccaggagga	cgcacagtag	tggaggatgc	aatcagttgc	gcctactgcg	gtggcctgat	3000
tcctcccccg	cctgaccgcg	gaggacggcg	cgcaaaatat	tgctcagatg	cgtgtcgtgc	3060
cgcagccagc	cgcgagcgcg	ccaacaaacg	ccacgccgag	gagctggagg	cggctagggtc	3120
gcaaatggcg	ctggaagtgc	gtcccccgag	cgaaattttg	gccatggtcg	tcacagagct	3180
ggaagcggca	gcgagaatta	tcgcgatcgt	ggcgggtgcc	gcaggcatga	caaacatcgt	3240
aaatgcccg	tttcgtgtgc	cgtggccgcc	caggacgtgt	cagcgccgcc	accacctgca	3300
ccgaatcggc	agcagcgtcg	cgcgtcgaaa	aagcgcacag	gcggcaagaa	gcgataagct	3360
gcacgaatac	ctgaaaaatg	ttgaacgccc	cgtgagcggg	aactcacagg	gcgtcggcta	3420
acccccagtc	caaacctggg	agaaagcgct	caaaaatgac	tctagcggat	tcacgagaca	3480
ttgacacacc	ggcctggaaa	ttttccgctg	atctgttoga	cacccatccc	gagctcgcgc	3540
tgcgatcacg	tggctggacg	agcgaagacc	gccgcgaatt	cctcgtcac	ctgggcagag	3600
aaaatttcca	gggcagcaag	acccgcgact	tcgccagcgc	ttggatcaaa	gacccggaca	3660
cggagaaaca	cagccgaagt	tataccgagt	tggttcaaaa	tcgcttgccc	ggtgccagta	3720
tgttgctctg	acgcacgcgc	agcacgcagc	cgtgcttgct	ctggacattg	atgtgccgag	3780
ccaccaggcc	ggcgggaaaa	tcgagcacgt	aaaccccag	gtctacgcga	ttttggagcg	3840
ctgggcacgc	ctggaaaaag	cgccagcttg	gatcggcggt	aatccactga	gcgggaaatg	3900
ccagctcatc	tggctcattg	atccggtgta	tgccgcagca	ggcatgagca	gcccgaatat	3960
gcgcctgctg	gctgcaacga	ccgaggaaat	gacccgcgtt	ttcggcgctg	accaggcttt	4020
ttcacatagg	ctgagccgtg	gccactgcac	tctccgacga	tcccagccgt	accgctggca	4080
tgcccagcac	aatcgcgtgg	atcgcctagc	tgatcttatg	gagggttgctc	gcatgatctc	4140
aggcacagaa	aaacctaaaa	aacgctatga	gcaggagttt	tctagcggac	gggcacgtat	4200
cgaagcggca	agaaaagcca	ctgcggaagc	aaaagcactt	gccacgcttg	aagcaagcct	4260
gcccagcgcc	gctgaagcgt	ctggagagct	gatcgacggc	gtccgtgtcc	tctggactgc	4320
tccaggggcgt	gccgcccgtg	atgagacggc	ttttcgccac	gctttgactg	tgggatacca	4380
gttaaaagcg	gctgggtgagc	gcctaaaaga	caccaagggt	catcgagcct	acgagcgtgc	4440
ctacaccgtc	gctcaggcgg	tcggaggagg	ccgtgagcct	gatctgccgc	cggactgtga	4500
ccgccagacg	gattggccgc	gacgtgtgcg	cggctacgtc	gctaaaggcc	agccagtcgt	4560
ccctgctcgt	cagacagaga	cgcagagcca	gccgaggcga	aaagctctgg	ccactatggg	4620
aagacgtggc	ggtaaaaagg	ccgcagaacg	ctggaaagac	ccaaacagtg	agtacgccc	4680
agcacagcga	gaaaaactag	ctaagtccag	tcaacgacaa	gctaggaaaag	ctaaaggaaa	4740
tcgcttgacc	attgcaggtt	ggttttatgac	tgttgaggga	gagactgggt	cgtggccgac	4800
aatcaatgaa	gctatgtctg	aatttagcgt	gtcacgtcag	accgtgaata	gagcacttaa	4860
gggtctcggg	cattgaactt	ccacgaggac	gccgaaagct	tcccagtaaa	tgtgccatct	4920
cgtaggcaga	aaacggttcc	cccgtagggg	ctctctcttg	gcctcctttc	taggtcgggc	4980
tgattgctct	tgaagctctc	tagggggggt	cacaccatag	gcagataacg	ttccccaccg	5040
gctcgcctcg	taagcgcaca	aggactgctc	ccaaagatct	tcaaagccac	t	5091

<210> 66

<211> 4323

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Plasmid

<400> 66

```

tctctcagcg tatggttgct gcctgagctg tagttgcctt catcgatgaa ctgctgtaca 60
ttttgatacg tttttccgtc accgtcaaag attgatttat aatcctctac accgttgatg 120
ttcaaagagc tgtctgatgc tgatacgtaa acttgtgcag ttgtcagtggt ttgtttgccg 180
taatgtttac cggagaaatc agtgtagaat aaacggattt ttccgtcaga tgtaaagtgt 240
gctgaacctg accattcttg tgtttggctt tttaggatag aatcatttgc atcgaatttg 300
tcgctgtctt taaagacgcg gccagcggtt ttccagctgt caatagaagt ttccgccgact 360
ttttgataga acatgtaaat cgatgtgtca tccgcatttt taggatctcc ggctaattgca 420
aagacgatgt ggtagccgtg atagtttgcg acagtgcctt cagcggtttt taatggccag 480
ctgtcccaaa cgtccaggcc ttttgcagaa gagatatttt taattgtgga cgaatcaaat 540
tcagaaactt gatatttttc atttttttgc tgttcaggga tttgcagcat atcatggcgt 600
gtaatatggg aaatgccgta tgtttcctta tatggctttt ggttcgtttc tttcgcaaac 660
gcttgagttg cgctcctgc cagcagtgcg gtatgaaagg ttaatactgt tgcttgtttt 720
gcaaactttt tgatgttcat cgttcatgtc tcctttttta tgtactgtgt tagcggctctg 780
cttcttccag ccctcctgtt tgaagatggc aagttagtta cgcacaataa aaaaagacct 840
aaaatatgta aggggtgacg ccaaagtata cactttgccc ttacacatt ttaggtcttg 900
cctgctttat cagtaacaaa cccgcgcgat ttacttttcg acctattct attagactct 960
cgtttggtt gcaactggtc tattttctc ttttgtttga tagaaaatca taaaaggatt 1020
tgcagctac gggcctaaag aactaaaaaa tctatctgtt tcttttcatt ctctgtattt 1080
tttatagttt ctgttgcatg ggcataaagt tgccttttta atcacaattc agaaaatac 1140
ataatatctc atttactaa ataatagtga acggcaggta tatgtgatgg gttaaaaagg 1200
atcggcggcc gctcgattta aatctcgaga ggcctgacgt cgggcccggg accacgcgtc 1260
atatgactag ttcggacctt gggatatcgt cgacatcgat gctcttctgc gtttaattaac 1320
aattgggac ctctagacct gggatttaaa tcgctagcgg gctgctaaag gaagcggaac 1380
acgtagaaa ccagtcgcga gaaacgggtc tgaccccgga tgaatgtcag ctactgggct 1440
atctggacaa gggaaaacgc aagcgcgaag agaaagcagg tagcttgtag tgggcttaca 1500
tggcgtagc tagactgggc ggttttatgg acagcaagcg aaccggaatt gccagctggg 1560
gcgcctctg gtaagggttg gaagccctgc aaagtaaaat ggatggcttt cttgccgcca 1620
aggatctgat ggcgcagggg atcaagatct ctcgcggccg cttgggtgga gaggctattc 1740
atgattgaac aagatggatt gcacgcaggt tctcgcggcc cttgggtgga gaggctattc 1740
ggctatgact gggcacaaca gacaatcggc tgctctgatg ccgcctgtgt ccggctgtca 1800
gcgcaggggc gcccggttct ttttgcgaag accgacctgt ccggtgccct gaatgaactg 1860
caggacgagg cagcgcggct atcgtggctg gccacgacgg gcgttccttg cgcagctgtg 1920
ctcgacgttg tcaactgaagc ggggaaggac tggctgctat tgggcaagt gccggggcag 1980
gatctcctgt catctcacct tgctcctgcc gagaaagtat ccatcatggc tgatgcaatg 2040
cgcggtctgc atacgtttga tccggctacc tgcccattcg accaccaagc gaaacatcgc 2100
atcgagcgag cactgactcg gatggaagcc ggtcttgctg atcaggatga tctggacgaa 2160
gagcatcagg ggctcgcgcc agccgaactg ttccgcaggc tcaaggcgcg catgccgac 2220
ggcgaggatc tcgtcgtgac ccatggcgat gcctgcttgc cgaatatcat ggtggaaaat 2280
ggcgcgtttt ctggattcat cgactgtggc cggctgggtg tggcggaccg ctatcaggac 2340
atagcgttg ctacccgtga tattgctgaa gagcttgggc gcgaatgggc tgaccgcttc 2400
ctcgtgcttt acggtatcgc cgctcccgat tgcgacgca tcgccttcta tcgccttctt 2460
gacgagttct tctgagcggg actctggggg tcgaaatgac cgaccaagcg acgccaacc 2520
tgccatcacg agatttcgat tccaccgccg ccttctatga aaggttgggc ttcggaatcg 2580
ttttccggga cgccggcttg atgacctcc agcgcgggga tctcatgctg gatttcttcg 2640
cccacgctag cggcgccgcg gccggcccg tgtgaaatag cgcacagatg cgtaaggaga 2700
aaataaccga tcaggcgctc ttccgcttcc tgctcactg actcgctgcg ctcggtcgtt 2760
cggtcgcggc gagcggatat agctcactca aaggcggtaa tacggttatc cacagaatca 2820
ggggataacg caggaaagaa catgtgagca aaaggccagc aaaaggccag gaaccgtaaa 2880
aaggccgcgt tgctggcgtt tttccatagg ctccgcccc ctgacgagca tcacaaaaat 2940
cgacgctcaa gtcagaggtg gcgaaaccgg acaggactat aaagatacca ggcgtttccc 3000
cctggaagct ccctcgtgcg ctctcctgtt ccgacctgc cgcttaccgg atacctgtcc 3060
gcctttctcc ctccgggaag cgtggcgctt tctcatagct cagctgtag cactctcagt 3120
tcggtgtagg tcgttcgctc caagctgggc tgtgtgcagc aacccccgt tcagcccgcag 3180
cgctgcgcct tatccggtaa ctatcgtctt gagtccaacc cggttaagaca cgacttatcg 3240
ccactggcag cagccactgg taacaggatt agcagagcga ggtatgtagg cggtgctaca 3300

```

```

gagttcttga agtggtggcc taactacggc tacactagaa ggacagtatt tggatatctgc 3360
gctctgctga agccagttac cttcggaata agagttggta gctcttgatc cggcaaaca 3420
accaccgctg gtagcgggtg tttttttgtt tgcaagcagc agattacgcg cagaaaaaa 3480
ggatctcaag aagatccttt gatcttttct acggggtctg acgctcagtg gaacgaaaac 3540
tcacgttaag ggatttttgt catgagatta tcaaaaagga tcttcaccta gatcctttta 3600
aaggccggcc gcggccgcca tcggcatttt cttttgcgtt tttatttggt aactgttaat 3660
tgtccttggt caaggatgct gtctttgaca acagatgttt tcttgccctt gatgttcagc 3720
aggaagctcg gcgcaaactg tgattgtttg tctgcgtaga atcctctgtt tgtcatatag 3780
cttgtaatca cgacattgtt tcctttcgct tgaggtagag cgaagtgtga gtaagtaaag 3840
gttacatcgt taggatcaag atccattttt aacacaaggc cagttttgtt cagcggcttg 3900
tatgggcccag ttaaagaatt agaaacataa ccaagcatgt aaatatcgtt agacgtaatg 3960
ccgtcaatcg tcatttttga tccgcgggag tcagtgaaca ggtaccattt gccgttcatt 4020
ttaaagacgt tcgcgcgttc aatttcattt gttactgtgt tagatgcaat cagcggtttc 4080
atcacttttt tcagtgtgta atcatcggtt agctcaatca taccgagagc gccgtttgct 4140
aactcagccg tgcgtttttt atcgttttgc agaagttttt gactttcttg acggaagaat 4200
gatgtgcttt tgccatagta tgctttgtta aataaagatt cttcgccttg gtagccatct 4260
tcagttccag tgtttgcttc aaataactaag tatttgtggc ctttatcttc tacgtagtga 4320
gga 4323

```

<210> 67

<211> 35

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: PCR Primer

<400> 67

gagagagaga gcggtcccag tggctgagac gcatc

35

<210> 68

<211> 34

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: PCR Primer

<400> 68

ctctctctgt cgacgaattc aatcttacgg cctg

34

<210> 69

<211> 5860

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Plasmid

<400> 69

cccggtagca	cgcgtcccag	tggtgagac	gcacccgcta	aagccccagg	aaccctgtgc	60
agaaagaaaa	cactcctctg	gctaggtaga	cacagtttat	aaaggtagag	ttgagcgggt	120
aactgtcagc	acgtagatcg	aaaggtgcac	aaaggtggcc	ctggtcgtac	agaaatatgg	180
cggttcctcg	cttgagagtg	cggaaacgat	tagaaacgtc	gctgaacgga	tcgttgccac	240
caagaaggct	ggaaatgatg	tcgtggttgt	ctgctccgca	atgggagaca	ccacggatga	300
acttctagaa	cttgacgcgg	cagtgaatcc	cgttccgcca	gctcgtgaaa	tggatatgct	360
cctgactgct	ggtagacgta	tttctaacgc	tctcgtcgcc	atggctattg	agtcaccttg	420
cgcagaagcc	caatctttca	cgggctctca	ggctgggtgtg	ctcaccaccg	agcgccacgg	480
aaacgcacgc	attgtttgatg	tcactccagg	tcgtgtgcgt	gaagcactcg	atgagggcaa	540
gatctgcatt	gttgctgggt	tccaggggtg	taataaagaa	accgcgatg	tcaccacggt	600
gggtcgtggg	ggttctgaca	ccactgcagt	tgcgttggca	gctgctttga	acgctgatgt	660
gtgtgagatt	tactcggacg	ttgacgggtg	gtataccgct	gacccgcgca	tcgttcctaa	720
tgcacagaag	ctggaaaagc	tcagcttcga	agaaatgctg	gaacttgctg	ctgttggttc	780
caagattttg	gtgctgcgca	gtgttgaata	cgctcgtgca	ttcaatgtgc	cacttcgcgt	840
acgctcgtct	tatagtaatg	atcccggcac	tttgattgcc	ggctctatgg	aggatattcc	900
tgtggaagaa	gcagtcctta	ccgggtgtcg	aaccgacaag	tccgaagcca	aagtaaccgt	960
tctgggtatt	tccgataagc	caggcgaggc	tgcgaagggt	ttccgtgcgt	tggctgatgc	1020
agaaatcaac	attgacatgg	ttctgcagaa	cgtctcttct	gtagaagacg	gcaccaccga	1080
catcaccttc	acctgccctc	gttccgacgg	ccgccgcgcg	atggagatct	tgaagaagct	1140
tcagggttcag	ggcaactgga	ccaatgtgct	ttacgacgac	caggtcggca	aagtctccct	1200
cgtgggtgct	ggcatgaagt	ctcaccacgg	tgttaccgca	gagttcatgg	aagctctgcg	1260
cgatgtcaac	gtgaacatcg	aattgatttc	cacctctgag	attcgtattt	ccgtgctgat	1320
ccgtgaagat	gatctggatg	ctgctgcacg	tgcattgcat	gagcagttcc	agctgggcgg	1380
cgaagacgaa	gccgtcgttt	atgcaggcac	cggacgctaa	agttttaaag	gagtagtttt	1440
acaatgacca	ccatcgcagt	tgttggtgca	accggccagg	tcggccaggt	tatgcgcacc	1500
cttttggaag	agcgcaattt	cccagctgac	actgttcggt	tctttgcttc	cccacgttcc	1560

gcaggccgta agattgaatt cgtcgacatc gatgctcttc tgcgttaatt aacaattggg 1620
atcctctaga cccgggattt aaatcgctag cgggctgcta aaggaagcgg aacacgtaga 1680
aagccagtcc gcagaaacgg tgetgacccc ggatgaatgt cagctactgg gctatctgga 1740
caagggaaaa cgcaagcgca aagagaaagc aggtagcttg cagtgggctt acatggcgat 1800
agctagactg ggcggtttta tggacagcaa gcgaaccgga attgccagct ggggcgcctt 1860
ctggtaaggt tgggaagccc tgcaaagtaa actggatggc tttcttgccg ccaaggatct 1920
gatggcgcag gggatcaaga tctgatcaag agacaggatg aggatcgttt cgcattgattg 1980
aacaagatgg attgcacgca ggttctccgg ccgcttgggt ggagaggcta ttcggctatg 2040
actgggcaca acagacaatc ggctgctctg atgccgccgt gttccggctg tcagcgcagg 2100
ggcgcccggg tctttttgtc aagaccgacc tgtccgggtgc cctgaatgaa ctgcaggacg 2160
aggcagcgcg gctatcgtgg ctggccacga cgggcgttcc ttgcgcagct gtgctcgacg 2220
ttgtcactga agcgggaagg gactggctgc tattgggcga agtgccgggg caggatctcc 2280
tgtcatctca ccttgctcct gccagaaaag tatccatcat ggctgatgca atgcggcggc 2340
tgcatacgct tgatccggct acctgcccac tcgaccacca agcgaacat cgcacgcagc 2400
gagcacgtac tcggatggaa gccggctctg tcgatcagga tgatctggac gaagagcatc 2460
aggggctcgc gccagccgaa ctgttcgcca ggctcaaggc gcgcatgccc gacggcgagg 2520
atctcgtcgt gacccatggc gatgcctgct tgccgaatat catgggtggaa aatggccgct 2580
tttctggatt catcgactgt ggccggctgg gtgtggcgga ccgctatcag gacatagcgt 2640
tggctacccg tgatattgct gaagagcttg gcggcgaaat ggctgaccgc ttcctcgtgc 2700
tttacgggat cgccgctccc gattcgcagc gcacgcctt ctatcgctt cttgacgagt 2760
tcttctgagc gggactctgg ggttcgaaat gaccgaccaa gcgacgcca acctgccatc 2820
acgagatttc gattccaccg ccgccttcta tgaaagggtg ggcttcggaa tcgttttccg 2880
ggacgccggc tggatgatcc tccagcgcgg ggatctcatg ctggagttct tcgcccacgc 2940
tagcggcgcg ccggccggcc cgggtgtgaaa taccgcacag atgcgtaagg agaaaatacc 3000
gcatcaggcg ctcttccgct tcctcgtcga ctgactcgtc gcgctcggtc gttcggctgc 3060
ggcgagcggg atcagctcac tcaaaggcgg taatacgggt atccacagaa tcaggggata 3120
acgcaggaaa gaacatgtga gcaaaaggcc agcaaaaggc caggaaccgt aaaaaggccg 3180
cgttgctggc gtttttccat aggctccgcc cccctgacga gcatcacaaa aatcgacgct 3240
caagtcagag gtggcgaaac ccgacaggac tataaagata ccaggcgttt cccctggaa 3300
gctccctcgt gcgctctcct gttccgaccc tgccgcttac cggatacctg tccgccttcc 3360

tcccttcggg	aagcgtggcg	ctttctcata	gctcacgctg	taggtatctc	agttcgggtg	3420
aggtcgttcg	ctccaagctg	ggctgtgtgc	acgaaccccc	cgttcagccc	gaccgctgcg	3480
ccttatccgg	taactatcgt	cttgagtcca	acccggtaag	acacgactta	tcgccactgg	3540
cagcagccac	tggtaacagg	attagcagag	cgaggatatgt	aggcgggtgct	acagagtctt	3600
tgaagtgggtg	gcctaactac	ggctacacta	gaaggacagt	at ttgggtatc	tgcgctctgc	3660
tgaagccagt	taccttcgga	aaaagagttg	gtagctcttg	atccggcaaa	caaaccaccg	3720
ctggtagcgg	tggttttttt	gtttgcaagc	agcagattac	gcgcagaaaa	aaaggatctc	3780
aagaagatcc	tttgatcttt	tctacggggt	ctgacgctca	gtggaacgaa	aactcacgtt	3840
aagggatttt	ggatcatgaga	ttatcaaaaa	ggatcttcac	ctagatcctt	ttaaaggccg	3900
gccgcggccg	ccatcggcat	tttcttttgc	gtttttatct	gttaactgtt	aattgtcctt	3960
gttcaaggat	gctgtctttg	acaacagatg	ttttcttgcc	tttgatgttc	agcaggaagc	4020
tcggcgcaaa	cgttgattgt	ttgtctgcgt	agaatcctct	gtttgtcata	tagcttgtaa	4080
tcacgacatt	gtttcctttc	gcttgaggta	cagcgaagtg	tgagtaagta	aaggttacat	4140
cgttaggatc	aagatccatt	tttaacacaa	ggccagtttt	gttcagcggc	ttgtatgggc	4200
cagttaaaga	attagaaaca	taaccaagca	tgtaaataatc	gttagacgta	atgccgtcaa	4260
tcgtcatttt	tgatccgcgg	gagtcagtga	acaggtacca	tttgccgttc	attttaaaga	4320
cgttcgcgcg	ttcaatttca	tctgttactg	tgtagatgc	aatcagcggg	ttcatcactt	4380
ttttcagtgt	gtaatcatcg	tttagctcaa	tcataccgag	agcgccgttt	gctaactcag	4440
ccgtgcgttt	tttatcgctt	tcgagaagtt	tttgactttc	ttgacggaag	aatgatgtgc	4500
ttttgccata	gtatgctttg	ttaaataaag	attcttcgcc	ttggtagcca	tcttcagttc	4560
cagtgtttgc	ttcaaatact	aagtattttg	ggcctttatc	ttctacgtag	tgaggatctc	4620
tcagcgtatg	gttgctgcct	gagctgtagt	tgcttctatc	gatgaactgc	tgtacatttt	4680
gatacgtttt	tccgtcaccg	tcaaagattg	at ttataatc	ctctacaccg	ttgatgttca	4740
aagagctgtc	tgatgctgat	acgttaactt	gtgcagttgt	cagtgtttgt	ttgccgtaat	4800
gtttaccgga	gaaatcagtg	tagaataaac	ggattttttcc	gtcagatgta	aatgtggctg	4860
aacctgacca	ttcttggtgt	tggtctttta	ggatagaatc	at ttgcatcg	aatttgctgc	4920
tgtctttaaa	gacgcggcca	gcgtttttcc	agctgtcaat	agaagtttcg	ccgacttttt	4980
gatagaacat	gtaaatcgat	gtgtcatccg	cattttttagg	atctccggct	aatgcaaaga	5040
cgatgtggta	gccgtgatag	tttgcgacag	tgccgtcagc	gttttgtaat	ggccagctgt	5100
cccaaacgtc	caggcctttt	gcagaagaga	tatttttaat	tgtggacgaa	tcaaattcag	5160
aaacttgata	tttttcattt	ttttgctgtt	cagggatttg	cagcatatca	tggcgtgtaa	5220

tatgggaaat gccgtatggt tccttatatg gcttttgggt cgtttctttc gcaaacgctt 5280
gagttgcgcc tcctgccage agtgcggttag taaagggttaa tactgttgct tgttttgcaa 5340
actttttgat gttcâtcggt catgtctcct tttttatgta ctgtgttagc ggtctgcttc 5400
ttccagccct cctgtttgaa gatggcaagt tagttacgca caataaaaaa agacctaaaa 5460
tatgtaagggt gtgacgcaa agtatacact ttgcccttta cacatttttag gtcttgctg 5520
ctttatcagt aacaaacccg cgcgatttac ttttcgacct cattctatta gactctcggt 5580
tggtattgcaa ctggtctatt ttctctttt gtttgataga aaatcataaa aggatttgca 5640
gactacgggc ctaaagaact aaaaaatcta tctgtttctt ttcattctct gtatttttta 5700
tagtttctgt tgcattgggca taaagttgcc tttttaatca caattcagaa aatatcataa 5760
tatctcattt cactaaataa tagtgaacgg caggatatatg tgatgggtta aaaaggatcg 5820
gcggccgctc gatttaaate tcgagaggcc tgacgtcggg 5860

<210> 70

<211> 38

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: PCR Primer

<400> 70

cggcaccacc gacatcatct tcacctgccc tcgttccg 38

<210> 71

<211> 38

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: PCR Primer

<400> 71

cggaacgagg gcaggtgaag atgatgtcgg tggtgccg 38

<210> 72

<211> 1266

<212> DNA

<213> LysC Mutante

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (1266)

<223>

<400> 72

gtg gcc ctg gtc gta cag aaa tat ggc ggt tcc tcg ctt gag agt gcg	48
Val Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala	
1 5 10 15	
 gaa cgc att aga aac gtc gct gaa cgg atc gtt gcc acc aag aag gct	96
Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala	
20 25 30	
 gga aat gat gtc gtg gtt gtc tgc tcc gca atg gga gac acc acg gat	144
Gly Asn Asp Val Val Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp	
35 40 45	
 gaa ctt cta gaa ctt gca gcg gca gtg aat ccc gtt ccg cca gct cgt	192
Glu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg	
50 55 60	
 gaa atg gat atg ctc ctg act gct ggt gag cgt att tct aac gct ctc	240
Glu Met Asp Met Leu Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu	
65 70 75 80	
 gtc gcc atg gct att gag tcc ctt ggc gca gaa gcc caa tct ttc acg	288
Val Ala Met Ala Ile Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr	
85 90 95	
 ggc tct cag gct ggt gtg ctc acc acc gag cgc cac gga aac gca cgc	336
Gly Ser Gln Ala Gly Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg	
100 105 110	
 att gtt gat gtc act cca ggt cgt gtg cgt gaa gca ctc gat gag ggc	384
Ile Val Asp Val Thr Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly	
115 120 125	
 aag atc tgc att gtt gct ggt ttc cag ggt gtt aat aaa gaa acc cgc	432
Lys Ile Cys Ile Val Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg	
130 135 140	
 gat gtc acc acg ttg ggt cgt ggt ggt tct gac acc act gca gtt gcg	480
Asp Val Thr Thr Leu Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala	
145 150 155 160	
 ttg gca gct gct ttg aac gct gat gtg tgt gag att tac tcg gac gtt	528
Leu Ala Ala Ala Leu Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val	

165								170					175					
gac Asp	ggt Gly	gtg Val	tat Tyr 180	acc Thr	gct Ala	gac Asp	ccg Pro	cgc Arg 185	atc Ile	gtt Val	cct Pro	aat Asn	gca Ala 190	cag Gln	aag Lys	576		
ctg Leu	gaa Glu	aag Lys 195	ctc Leu	agc Ser	ttc Phe	gaa Glu	gaa Glu 200	atg Met	ctg Leu	gaa Glu	ctt Leu	gct Ala 205	gct Ala	gtt Val	ggc Gly	624		
tcc Ser	aag Lys 210	att Ile	ttg Leu	gtg Val	ctg Leu	cgc Arg 215	agt Ser	gtt Val	gaa Glu	tac Tyr	gct Ala 220	cgt Arg	gca Ala	ttc Phe	aat Asn	672		
gtg Val 225	cca Pro	ctt Leu	cgc Arg	gta Val	cgc Arg 230	tcg Ser	tct Ser	tat Tyr	agt Ser	aat Asn 235	gat Asp	ccc Pro	ggc Gly	act Thr	ttg Leu 240	720		
att Ile	gcc Ala	ggc Gly	tct Ser	atg Met 245	gag Glu	gat Asp	att Ile	cct Pro	gtg Val 250	gaa Glu	gaa Glu	gca Ala	gtc Val	ctt Leu 255	acc Thr	768		
ggc Gly	gtc Val	gca Ala	acc Thr 260	gac Asp	aag Lys	tcc Ser	gaa Glu	gcc Ala 265	aaa Lys	gta Val	acc Thr	gtt Val	ctg Leu 270	ggc Gly	att Ile	816		
tcc Ser	gat Asp	aag Lys 275	cca Pro	ggc Gly	gag Glu	gct Ala	gcg Ala 280	aag Lys	gtt Val	ttc Phe	cgt Arg	gcg Ala 285	ttg Leu	gct Ala	gat Asp	864		
gca Ala 290	gaa Glu	atc Ile	aac Asn	att Ile	gac Asp	atg Met 295	gtt Val	ctg Leu	cag Gln	aac Asn	gtc Val 300	tct Ser	tct Ser	gta Val	gaa Glu	912		
gac Asp 305	ggc Gly	acc Thr	acc Thr	gac Asp	atc Ile 310	atc Ile	ttc Phe	acc Thr	tgc Cys 315	cct Pro	cgt Arg	tcc Ser	gac Asp	ggc Gly	cgc Arg 320	960		
cgc Arg	gcg Ala	atg Met	gag Glu	atc Ile 325	ttg Leu	aag Lys	aag Lys	ctt Leu	cag Gln 330	gtt Val	cag Gln	ggc Gly	aac Asn	tgg Trp 335	acc Thr	1008		
aat Asn	gtg Val	ctt Leu	tac Tyr 340	gac Asp	gac Asp	cag Gln	gtc Val	ggc Gly 345	aaa Lys	gtc Val	tcc Ser	ctc Leu	gtg Val 350	ggc Gly	gct Ala	1056		
ggc Gly	atg Met	aag Lys 355	tct Ser	cac His	cca Pro	ggc Gly	gtt Val 360	acc Thr	gca Ala	gag Glu	ttc Phe	atg Met 365	gaa Glu	gct Ala	ctg Leu	1104		
cgc Arg	gat Asp 370	gtc Val	aac Asn	gtg Val	aac Asn	atc Ile 375	gaa Glu	ttg Leu	att Ile	tcc Ser	acc Thr 380	tct Ser	gag Glu	att Ile	cgt Arg	1152		
att Ile 385	tcc Ser	gtg Val	ctg Leu	atc Ile	cgt Arg 390	gaa Glu	gat Asp	gat Asp	ctg Leu 395	gat Asp	gct Ala	gct Ala	gca Ala	cgt Arg	gca Ala 400	1200		
ttg Leu	cat His	gag Glu	cag Gln 405	ttc Phe	cag Gln	ctg Leu	ggc Gly	ggc Gly	gaa Glu 410	gac Asp	gaa Glu	gcc Ala	gtc Val 415	gtt Val	tat Tyr	1248		

gca ggc acc gga cgc taa
 Ala Gly Thr Gly Arg
 420

1266

<210> 73

<211> 421

<212> PRT

<213> LysC Mutante

<400> 73

Val Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala
 1 5 10 15

Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala
 20 25 30

Gly Asn Asp Val Val Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp
 35 40 45

Glu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg
 50 55 60

Glu Met Asp Met Leu Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu
 65 70 75 80

Val Ala Met Ala Ile Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr
 85 90 95

Gly Ser Gln Ala Gly Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg
 100 105 110

Ile Val Asp Val Thr Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly
 115 120 125

Lys Ile Cys Ile Val Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg
 130 135 140

Asp Val Thr Thr Leu Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala
 145 150 155 160

Leu Ala Ala Ala Leu Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val
 165 170 175

Asp Gly Val Tyr Thr Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys
 180 185 190

Leu Glu Lys Leu Ser Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly
 195 200 205

Ser Lys Ile Leu Val Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn
 210 215 220

Val Pro Leu Arg Val Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu
 225 230 235 240

Ile Ala Gly Ser Met Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr
 245 250 255

Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile
 260 265 270

Ser Asp Lys Pro Gly Glu Ala Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp
 275 280 285

Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu
 290 295 300

Asp Gly Thr Thr Asp Ile Ile Phe Thr Cys Pro Arg Ser Asp Gly Arg
 305 310 315 320

Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr
 325 330 335

Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala
 340 345 350

Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu
 355 360 365

Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg
 370 375 380

Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala
 385 390 395 400

Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr
 405 410 415

Ala Gly Thr Gly Arg
420

<210> 74

<211> 5860

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Plasmid

<400> 74

cccgggtacca cgcgtcccag tggctgagac gcatccgcta aagccccagg aaccctgtgc	60
agaaagaaaa cactcctctg gctaggtaga cacagtttat aaaggtagag ttgagcgggt	120
aactgtcagc acgtagatcg aaaggtgcac aaaggtggcc ctggctcgta agaaatatgg	180
cgggttcctcg cttgagagtg cggaaacgcat tagaaacgta gctgaacgga tcgttgccac	240
caagaaggct ggaaatgatg tcgtgggtgt ctgctccgca atgggagaca ccacggatga	300
acttctagaa cttgcagcgg cagtgaatcc cgttccgcca gctcgtgaaa tggatatgct	360
cctgactgct ggtgagcgta tttctaacgc tctcgtcgcc atggctattg agtcccttgg	420
cgcagaagcc caatctttca cgggctctca ggctgggtgt ctcaccaccg agcgccacgg	480
aaacgcacgc attgttgatg tcaactccagg tcgtgtgctg gaagcactcg atgagggcaa	540
gatctgcatt gttgctggtt tccaggggtg taataaagaa acccgcgatg tcaccacggt	600
gggtcgtggt ggttctgaca ccaactgcagt tgcgttgga gctgctttga acgctgatgt	660
gtgtgagatt tactcgagc ttgacgggtg gtataccgct gacccgcgca tcgttcctaa	720
tgcacagaag ctggaaaagc tcagcttcga agaaatgctg gaacttgctg ctgttggtc	780
caagattttg gtgctgcgca gtgttgaata cgctcgtgca ttcaatgtgc cacttcgcgt	840
acgctcgtct tatagtaatg atcccggcac tttgattgcc ggctctatgg aggatattcc	900
tgtggaagaa gcagtcctta ccgggtgctgc aaccgacaag tccgaagcca aagtaaccgt	960
tctgggtatt tccgataagc caggcgagggc tgcgaagggt ttccgtgctg tggctgatgc	1020
agaaatcaac attgacatgg ttctgcagaa cgtctcttct gtagaagacg gcaccaccga	1080
catcatcttc acctgcctc gttccgacgg ccgccgcgcg atggagatct tgaagaagct	1140
tcagggttcag ggcaactgga ccaatgtgct ttacgacgac caggtcggca aagtctccct	1200
cgtgggtgct ggcataagc ctcaccacgg tgttaccgca gagttcatgg aagctctgcg	1260
cgatgtcaac gtgaacatcg aattgatttc cacctctgag attcgtattt ccgtgctgat	1320

ccgtgaagat gatctggatg ctgctgcacg tgcattgcat gagcagttcc agctgggagg 1380
cgaagacgaa gccgtcgttt atgcaggcac cggacgctaa agttttaaaag gagtagtttt 1440
acaatgacca ccatcgaggt tgttggtgca accggccagg tcggccagggt tatgagcacc 1500
cttttggaag agcgcaattt cccagctgac actgttcgtt tctttgcttc cccacgttcc 1560
gcaggccgta agattgaatt cgtcgacatc gatgctcttc tgcgttaatt aacaattggg 1620
atcctctaga cccgggattt aaatcgctag cgggctgcta aaggaagcgg aacacgtaga 1680
aagccagtcc gcagaaacgg tgctgacccc ggatgaatgt cagctactgg gctatctgga 1740
caagggaaaa cgcaagcgca aagagaaagc aggtagcttg cagtgggctt acatggcgat 1800
agctagactg ggcggtttta tggacagcaa gcgaaccgga attgccagct ggggagccct 1860
ctggtaaggt tgggaagccc tgcaaagtaa actggatggc tttcttgccg ccaaggatct 1920
gatggcgagc gggatcaaga tctgatcaag agacaggatg aggatcggtt cgcagattg 1980
aacaagatgg attgcacgca ggttctccgg ccgcttgggt ggagaggcta ttcggctatg 2040
actgggcaca acagacaatc ggctgctctg atgccgccgt gttccggctg tcagcgagc 2100
ggcgcccggt tctttttgtc aagaccgacc tgtccgggtg cctgaatgaa ctgcaggacg 2160
aggcagcgcg gctatcggtg ctggccacga cgggagttcc ttgagcagct gtgctcgacg 2220
ttgtcactga agcgggaagg gactggctgc tattgggaga agtgccgggg caggatctcc 2280
tgtcatctca ccttgctcct gccagaaaag tatccatcat ggctgatgca atgcggcggc 2340
tgcatacgct tgatccggct acctgcccac tcgaccacca agcgaaacat cgcacgagc 2400
gagcacgtac tcggatggaa gccggtcttg tcgatcagga tgatctggac gaagagcatc 2460
aggggctcgc gccagccgaa ctgttcgcca ggctcaaggc gcgcatgccc gacggcgagg 2520
atctcgctgt gacccatggc gatgcctgct tgccgaatat catggtggaa aatggccgct 2580
tttctggatt catcgactgt ggccggctgg gtgtggcgga ccgctatcag gacatagcgt 2640
tggctacccg tgatattgct gaagagcttg gcggcgaaat ggctgaccgc ttcctcgctg 2700
tttaagggtat cgccgctccc gattcgcagc gcacgcctt ctatcgctt cttgacgagt 2760
tcttctgagc gggactctgg ggttcgaaat gaccgaccaa gcgacgcca acctgccatc 2820
acgagatttc gattccaccg ccgccttcta tgaaagggtg ggcttcggaa tcgttttccg 2880
ggacgcccgc tggatgatcc tccagcgagg ggatctcatg ctggagttct tcgcccacgc 2940
tagcggcgcg ccggccggcc cgggtgtgaa taccgcacag atgcgtaagg agaaaatacc 3000
gcatcaggcg ctcttccgct tctcgtctca ctgactcgct gcgctcggtc gttcggctgc 3060
ggcgagcggg atcagctcac tcaaaggcgg taatacgggt atccacagaa tcaggggata 3120

acgcaggaaa gaacatgtga gcaaaaggcc agcaaaaggc caggaaccgt aaaaaggccg 3180
cgttgctggc gtttttccat aggctccgcc cccctgacga gcatcacaaa aatcgacgct 3240
caagtcagag gtggcgaaac ccgacaggac tataaagata ccaggcgttt ccccctggaa 3300
gtccctcgt gcgctctcct gttccgaccc tgccgcttac cggatacctg tccgccttcc 3360
tcccttcggg aagcgtggcg ctttctcata gctcacgctg taggtatctc agttcggtgt 3420
aggtcgttcg ctccaagctg ggctgtgtgc acgaaccccc cgttcagccc gaccgctgcg 3480
ccttatccgg taactatcgt cttgagtcca acccggttaag acacgactta tcgccactgg 3540
cagcagccac tggtaacagg attagcagag cgaggatatgt aggcggtgct acagagttct 3600
tgaagtgggt gcctaactac ggctacacta gaaggacagt atttggtatc tgcgctctgc 3660
tgaagccagt taccttcgga aaaagagttg gtagctcttg atccggcaaa caaaccaccg 3720
ctggtagcgg tggttttttt gtttgcaagc agcagattac gcgcagaaaa aaaggatctc 3780
aagaagatcc tttgatcttt tctacggggg ctgacgctca gtggaacgaa aactcacgtt 3840
aagggatttt ggtcatgaga ttatcaaaaa ggatcttcac ctagatcctt ttaaaggccg 3900
gccgcggccg ccacgcgcat tttcttttgc gtttttatth gttaactgtt aattgtcctt 3960
gttcaaggat gctgtctttg acaacagatg ttttcttgcc tttgatgttc agcaggaagc 4020
tcggcgcaaa cgttgattgt ttgtctgcgt agaatcctct gtttgtcata tagcttgtaa 4080
tcacgacatt gtttccttcc gcttgaggta cagcgaagtg tgagtaagta aaggttacat 4140
cgttaggatc aagatccatt tttaacacaa ggccagtttt gttcagcggc ttgtatgggc 4200
cagttaaaga attagaaaca taaccaagca tgtaaataatc gttagacgta atgccgtcaa 4260
tcgtcatttt tgatccgcgg gagtcagtga acaggtacca tttgcggttc attttaaaga 4320
cgttcgcgcg ttcaatttca tctgttactg tgttagatgc aatcagcggg ttcactactt 4380
ttttcagtg gtaatcatcg tttagctcaa tcataccgag agcgccggtt gctaactcag 4440
ccgtgcgttt ttatcgtct tgcagaagtt tttgactttc ttgacggaag aatgatgtgc 4500
ttttgccata gtatgctttg ttaaataaag attcttcgcc ttggtagcca tcttcagttc 4560
cagtgtttgc ttcaaatact aagtatttgt ggcctttatc ttctacgtag tgaggatctc 4620
tcagcgtagt gttgtcgctt gagctgtagt tgccttcacg gatgaactgc tgtacatttt 4680
gatacgtttt tccgtcaccg tcaaagattg atttataatc ctctacaccg ttgatgttca 4740
aagagctgtc tgatgctgat acgttaactt gtgcagttgt cagtgtttgt ttgccgtaat 4800
gtttaccgga gaaatcagt tagaataaac ggatttttcc gtcagatgta aatgtggctg 4860
aacctgacca ttcttggtgt tgggtctttta ggatagaatc atttgcatcg aatttgctgc 4920
tgtctttaa gacgcggcca gcgtttttcc agctgtcaat agaagtttcg ccgacttttt 4980

gatagaacat gtaaatacgat gtgtcatccg catttttagg atctccggct aatgcaaaga 5040
cgatgtggta gccgtgatag tttgcgacag tgccgtcagc gttttgtaat ggccagctgt 5100
cccaaacgtc caggccctttt gcagaagaga tatttttaaat tgtggacgaa tcaaattcag 5160
aaacttgata tttttcattt ttttgctgtt cagggatttg cagcatatca tggcgtgtaa 5220
tatgggaaat gccgtatgtt tccttatatg gcttttggtt cgtttctttc gcaaacgctt 5280
gagttgcgcc tcctgccagc agtgcggtag taaagggttaa tactgttgct tgttttgcaa 5340
actttttgat gttcatcgtt catgtctcct tttttatgta ctgtgttagc ggtctgcttc 5400
ttccagccct cctgtttgaa gatggcaagt tagttacgca caataaaaaa agacctaaaa 5460
tatgtaaggg gtgacgcaa agtatacact ttgcccttta cacatttttag gtcttgctg 5520
ctttatcagt aacaaacccg cgcgatttac ttttcgacct cattctatta gactctcgtt 5580
tggattgcaa ctggtctatt ttctctttt gtttgataga aaatcataaa aggatttgca 5640
gactacgggc ctaaagaact aaaaaatcta tctgtttctt ttcattctct gtatttttta 5700
tagtttctgt tgcattgggca taaagttgcc tttttaatca caattcagaa aatatcataa 5760
tatctcattt cactaaataa tagtgaacgg caggtatatg tgatgggtta aaaaggatcg 5820
gcggccgctc gatttaaate tcgagaggcc tgacgtcggg 5860

<210> 75

<211> 32

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: PCR primer

<400> 75

gagactcgag gtagacttta aacctatatt ag

32

<210> 76

<211> 29

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: PCR primer

<400> 76
gaagtctaga ttagcgaata gcgtcgtgg

29

<210> 77

<211> 6142

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Plasmid

<400> 77
tcgaggtaga ctttaaacc atattagagg gtgggggcgc agctaagcca agagctaaga 60
aaactagggg acatagtggg atcgacgctg ttcaataacg gcaacctaca gtaaaaatga 120
ataaaattcc tcaagggtggc aatattcttc aattttccca taaaatacgc ccgtatgtct 180
gcacaaccgc tacctgctgc gtatcagcgc acaatcacgc atgtcatttc catgccaaca 240
ccggggccagg ttccgttttc tgtagagttt atgccgccac gagatgaggc agcagaagag 300
cgactctgga aagccgccga agcatttcac gacttaggag cctcttttgt ctccgttact 360
tatgggtgcag gcggatctag ccgcgagcgc acaatgcgtg tcgcgcacaa gctttctcgt 420
catccgttga ccacgctcgt tcatctcagc cttgtggaac acaccaaga agaattagaa 480
gaaattctgt gcacttatgc gtcccacggg ttgtctaact tacttgccct gcgaggcgat 540
ccccctggca ctgaccgat ggctccgtgg gtccctaccg caggcggcct agattatgcc 600
aaagatttga tcgacctcgt gcgcaagact gagcagacct cgcactttca ggtaggaatt 660
gctagtttcc cagaagggca ctaccgagcg cctagcattg aggcggatac gcaatttaca 720
ttggaaaagc tgcgagctgg cgcagagttt tcgattaccc agatgttttt tgatgtcgat 780
cactatttac gactgcgaga tcgcttggtt aaggcggatc ctgaacatgg atcaaagccg 840
atcatcccag gacttatgcc cattaccagc ttgaggtcgg ttcgtaggca gatggaatta 900
gcagggtgcc ccttgccctaa ggcttttagaa aaacggcttc tcgacgcagc gcgcggcgat 960
gaggaagctc atcgcggcga tattcgcaaa gtaggaatcg aagtcactac tgagatggca 1020
cagcgtctta tttctgaagg gatcccagac atccatttca tgaccatgaa ttatgttcga 1080
gcgacccaag aagtactcca taatctcggc atggcgcccg cgtggggaac acagcaaggc 1140
cacgacgcta ttcgctaato tagaccggg atttaaatac ctagcgggct gctaaaggaa 1200
gcggaacacg tagaaagcca gtccgcagaa acgggtgctga ccccgatga atgtcagcta 1260

ctgggctatc tggacaaggg aaaacgcaag cgcaaagaga aagcaggtag cttgcagtgg 1320
gcttacatgg cgatagctag actgggoggt tttatggaca gcaagcgaac cggaattgcc 1380
agctggggcg ccctctggta aggttgggaa gccctgcaaa gtaaactgga tggctttctt 1440
gccgccaagg atctgatggc gcaggggatc aagatctgat caagagacag gatgaggatc 1500
gtttcgcatg attgaacaag atggattgca cgcaggttct ccggccgctt ggggtggagag 1560
gctattcggc tatgactggg cacaacagac aatcggtgc tctgatgccg ccgtgttccg 1620
gctgtcagcg caggggcgc ccggttctttt tgtcaagacc gacctgtccg gtgccctgaa 1680
tgaactgcag gacgaggcag cgcggctatc gtggctggcc acgacgggcg ttccttgccg 1740
agctgtgctc gacgttgtca ctgaagcggg aagggaactg ctgctattgg gcgaagtgcc 1800
ggggcaggat ctctgtcat ctcacctgc tcctgccgag aaagtatcca tcatggctga 1860
tgcaatgcgg cggctgcata cgcttgatcc ggctacctgc ccattcgacc accaagcgaa 1920
acatcgcatc gagcgagcac gtactcggat ggaagccggt cttgtcgatc aggatgatct 1980
ggacgaagag catcaggggc tcgcgccagc cgaactgttc gccaggctca aggcgcgcac 2040
gcccgcggc gaggatctcg tcgtgaccca tggcgatgcc tgcttgccga atatcatggt 2100
ggaaaatggc cgcttttctg gattcatcga ctgtggccgg ctgggtgtgg cggaccgcta 2160
tcaggacata gcgttggtc cccgtgatat tgctgaagag cttggcggcg aatgggctga 2220
ccgcttcctc gtgctttacg gtatcgccgc tcccgatctg cagcgcacg ccttctatcg 2280
ccttcttgac gagttcttct gagcgggact ctgggggttcg aaatgaccga ccaagcgacg 2340
cccaacctgc catcacgaga ttctgattcc accgccgcct tctatgaaag gttgggcttc 2400
ggaatcgttt tccgggacgc cggctggatg atcctccagc gcggggatct catgctggag 2460
ttcttcgccc acgctagcgg cgcgcgggcc ggcccgggtgt gaaataccgc acagatgcgt 2520
aaggagaaaa taccgcatca ggcgtcttc cgcttcctcg ctactgact cgctgcgctc 2580
ggtcgttcgg ctgcggcgag cggtatcagc tcaactcaaag gcggtaatac ggttatccac 2640
agaatcaggg gataacgcag gaaagaacat gtgagcaaaa ggccagcaaa aggccaggaa 2700
ccgtaaaaag gccgcgttgc tggcgttttt ccataggctc cgcacctg acgagcatca 2760
caaaaatcga cgctcaagtc agagggtggcg aaacccgaca ggactataaa gataccaggc 2820
gtttccccct ggaagctccc tcgtgcgctc tcctgttccg accctgccgc ttaccggata 2880
cctgtccgcc tttctccctt cgggaagcgt ggcgctttct catagctcac gctgtaggta 2940
tctcagttcg gtgtaggtcg ttcgctccaa gctgggctgt gtgcacgaac ccccgttca 3000
gcccgcgcg tgcccttat ccggtaacta tcgtcttgag tccaaccgg taagacacga 3060

cttatcgcca ctggcagcag ccactggtaa caggattagc agagcgaggt atgtaggcgg 3120
tgctacagag ttcttgaagt ggtggcctaa ctacggctac actagaagga cagtatttgg 3180
tatctgcgct ctgctgaagc cagttacctt cggaaaaaga gttggtagct cttgatccgg 3240
caaaacaaacc accgctggta gcggtggttt ttttgtttgc aagcagcaga ttacgcgcag 3300
aaaaaaagga tctcaagaag atcctttgat cttttctacg gggctctgacg ctcagtggaa 3360
cgaaaaactca cgttaaggga ttttggatcat gagattatca aaaaggatct tcacctagat 3420
cctttttaaag gccggccgcg gccgcgcaaa gtcccgcctt gtgaaaattt tcgtgccgcg 3480
tgattttccg ccaaaaactt taacgaacgt tcgttataat ggtgtcatga ctttcacgac 3540
gaagtactaa aattggcccc aatcatcagc tatggatctc tctgatgtcg cgctggagtc 3600
cgacgcgctc gatgctgccg tcgattttaa aacgggtgac ggatttttcc gagctctcga 3660
tacgacggac gcgccagcat cagcagactg ggccagtgcc gcgagcgacc tagaaactct 3720
cgtggcggat cttgaggagc tggctgacga gctgcgtgct cggccagcgc caggaggacg 3780
cacagtagtg gaggatgcaa tcagttgcgc ctactgcggt ggctgattc ctccccggcc 3840
tgacccgcga ggacggcgcg caaaatattg ctcagatgcg tgcgtgccc cagccagccc 3900
cgagcgcgcc aacaaacgcc acgccgagga gctggaggcg gctaggtcgc aaatggcgct 3960
ggaagtgcgt cccccgagcg aaattttggc catggctgct acagagctgg aagcggcagc 4020
gagaattatc gcgatcgtgg cggtgccgc aggcattgaca aacatcgtaa atgccgcgtt 4080
tcgtgtgccg tggccgcca ggacgtgtca gcgccgccac cacctgcacc gaatcggcag 4140
cagcgtcgcg cgtcgaaaaa gcgcacaggc ggcaagaagc gataagctgc acgaatacct 4200
gaaaaatgtt gaacgccccg tgagcggtaa ctcacagggc gtcggctaac cccagtcca 4260
aacctgggag aaagcgtca aaaatgactc tagcggattc acgagacatt gacacaccgg 4320
cctggaaatt ttccgctgat ctgttcgaca cccatcccga gctcgcgctg cgatcacgtg 4380
gctggacgag cgaagaccgc cgcgaattcc tcgctcacct gggcagagaa aatttccagg 4440
gcagcaagac ccgcgacttc gccagcgctt ggatcaaaga cccggacacg gagaaacaca 4500
gccgaagtta taccgagttg gttcaaaatc gcttgcccgg tgccagtatg ttgctctgac 4560
gcacgcgcag cacgcagccg tgcttgctct ggacattgat gtgccgagcc accaggccgg 4620
cgggaaaatc gagcacgtaa accccgaggt ctacgcgatt ttggagcgct gggcacgcct 4680
ggaaaaagcg ccagcttga tcggcgtgaa tccactgagc gggaaatgcc agctcatctg 4740
gctcattgat ccggtgtatg ccgcagcagg catgagcagc ccgaatatgc gcctgctggc 4800
tgcaacgacc gaggaaatga cccgcgtttt cggcgtgac caggcttttt cacataggct 4860
gagccgtggc cactgcactc tccgacgac ccagccgtac cgctggcatg cccagcaca 4920

tcgcgtggat cgcctagctg atcttatgga ggttgctcgc atgatctcag gcacagaaaa 4980
acctaataaaa cgctatgagc aggagttttc tagcggacgg gcacgtatcg aagcggcaag 5040
aaaagccact gcggaagcaa aagcacttgc cacgcttgaa gcaagcctgc cgagcgccgc 5100
tgaagcgtct ggagagctga tcgacggcgt ccggtgctctc tggactgctc cagggcgtgc 5160
cgcccgtgat gagacggctt ttcgccacgc tttgactgtg ggataccagt taaaagcggc 5220
tgggtgagcgc ctaaaagaca ccaagggcca tcgagcctac gagcgtgcct acaccgtcgc 5280
tcaggcggtc ggaggaggcc gtgagcctga tctgccgccg gactgtgacc gccagacgga 5340
ttggccgcga cgtgtgcgcg gctacgtcgc taaaggccag ccagtcgtcc ctgctcgtca 5400
gacagagacg cagagccagc cgaggcgaaa agctctggcc actatgggaa gacgtggcgg 5460
taaaaaggcc gcagaacgct ggaaagacc aaacagttag tacgcccag cacagcgaga 5520
aaaactagct aagtccagtc aacgacaagc taggaaagct aaaggaaatc gcttgaccat 5580
tgcaggttgg tttatgactg ttgagggaga gactggctcg tggccgacaa tcaatgaagc 5640
tatgtctgaa tttagcgtgt cacgtcagac cgtgaataga gcacttaagg tctgcgggca 5700
ttgaacttcc acgaggacgc cgaaagcttc ccagtaaatg tgccatctcg taggcagaaa 5760
acggttcccc cgtagggctc ctctcttggc ctcttttcta ggtcgggctg attgctcttg 5820
aagctctcta ggggggctca caccataggc agataacggt cccacccggc tcgcctcgta 5880
agcgacacaag gactgctccc aaagatcttc aaagccactg ccgcgactgc cttecgcaag 5940
ccttgccccg cggaatttcc ctccaccgag ttcgtgcaca cccctatgcc aagcttcttt 6000
caccctaaat tcgagagatt ggattcttac cgtggaaatt cttecgcaaaa atcgtcccct 6060
gatcgccctt gcgacgttgg cgtcgggtgc gctgggttgc cttggcttga ccgacttgat 6120
cagcggccgc tcgatttaaa tc 6142